

UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



TESIS DOCTORAL

**Análisis antropológico de la variabilidad del cerúmen en la
población española**

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR
PRESENTADA POR

Rosario Calderón Fernández

Madrid, 2015



UNIVERSIDAD COMPLUTENSE



531004587X

TS72.5
CAL
an9

UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLOGICAS

ANALISIS ANTROPOLOGICO DE LA VARIABILIDAD DEL CERUMEN EN LA POBLACION ESPAÑOLA

M E M O R I A

que para optar al Grado de Doctor en Ciencias Biológicas

presenta

ROSARIO CALDERON FERNANDEZ



Madrid, 1.977

R. 28.256

TESIS DOCTORAL DIRIGIDA POR EL PROFESOR:

DR. DON ARTURO VALLS MEDINA

Vº Bº

Arturo Valls Medina.

El presente trabajo ha sido realizado en el Departamento de Antropología de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Complutense de Madrid, bajo la dirección del Profesor Dr. Arturo Valls Medina, al que quiero agradecer la valiosa ayuda prestada para su realización.

Igualmente, deseo expresar mi agradecimiento al Prof. Dr. José Pons Rosell que despertó en mí la vocación por la Antropología; a mis compañeros del Departamento, Adelaída de Robles, Rosa María Grande, María Dolores Garralda, Cristina Bernis, María Soledad Mesa y Vicente Fúster por su inestimable ayuda, así como a la Cátedra de Fisiología Animal de esta Facultad por la prestación desinteresada de sus aparatos, sin los cuales no hubiera sido posible realizar gran parte de este trabajo.

I N D I C E

	<u>Págs.</u>
1.- INTRODUCCION	1
1.1.- Anatomía y fisiología del conducto auditivo externo	1
1.2.- Variabilidad normal del cerumen ...	6
1.3.- Papel del cerumen humano en el C.A.E.	8
1.4.- Composición química del cerumen ...	9
2.- OBJETO DEL TRABAJO	15
3.- MATERIAL Y METODOS	18
3.1.- Material	18
3.1.1.- Poblaciones estudiadas	18
3.1.2.- Peso medio de las muestras de cerumen extraídas	19
3.1.3.- Estudio de familias	19
3.1.4.- Estudio en fratrias	20
3.2.- Métodos bioquímicos	20
3.2.1.- Medida del contenido lipídico en cerumen	20
3.2.2.- Medida de la cantidad de proteínas	22
3.2.3.- Obtención de la sustancia Anti-H en Ulex europeaus ..	24

	<u>Págs</u>
3.2.4. Preparación de las muestras de cerumen, para la detección de antígenos grupales (ABH)	25
3.2.5. Obtención de la titulación Anti-A, Anti-B y Anti-H para el cerumen	26
3.2.6. Método para la obtención de sustancias con capacidad antigénica de especificidad grupal en el cerumen	28
3.3. Métodos genéticos	29
3.3.1. Cálculo de las frecuencias alélicas	29
3.3.2. Método de Snyder	31
3.3.3. Método de Fisher	32
3.3.4. Método de Penrose	35
3.4. Métodos estadísticos	37
3.4.1. Cálculo de los parámetros de posición y dispersión	37
3.4.2. Método χ^2	40
3.4.3. Comparación de promedios "t" de Student	40
3.4.4. Análisis de la varianza	41
3.4.5. Cálculo del coeficiente de correlación y rectas de regresión	42
3.4.6. Estimación de la heredabilidad por medio de análisis de regresión y varianza	43

	<u>Págs.</u>
4. RESULTADOS	45
4.1. Variabilidad del cerumen humano	45
4.1.2. Variabilidad del caracter in- vestigado en la población es- pañola; vascos, castellanos y andaluces	46
4.1.3. Análisis de las diferencias en tre los sexos	46
4.1.4. Cálculo de las frecuencias alélicas	48
4.1.5. Estimaciones de las diferen- cias entre las tres muestras de población española	49
4.1.6. Comparación con otros grupos étnicos	52
4.1.7. Presencia de un gradiente ó "cline" en las distribuciones de las frecuencias alélicas ..	55
4.2. Análisis estadístico del contenido en lípidos y proteínas totales para las dos formas de cerumen	58
4.2.1. Población española en general.	
4.2.2. Población vasca	67
4.2.3. Población castellana	73
4.2.4. Población andaluza	80
4.2.5. Comparación entre las tres muestras de población española	87

4.3.- Variación del contenido lipídico y proteico en cerumen humano según la edad y el sexo	91
4.4.- Presencia de sustancias antigénicas ABH con especificidad grupal en el cerumen	99
4.4.1.- Estimaciones de las frecuencias alélicas. Asociación del carácter secretor con el sistema A B O	99
4.4.2.- Frecuencia de secretores y no secretores ABH según el tipo de cerumen y grupo sanguíneo	101
4.5.- Modelos teóricos de herencia para caracteres con dominancia completa	108
4.5.1.- Cálculo de las frecuencias alélicas. Método de Snyder	115
4.5.2.- Método de Fisher	122
4.5.3.- Método de Penrose. Análisis de fratrias	126
4.5.4.- Datos familiares correspondientes a otros grupos raciales	131
4.6.- Tipo de herencia para el contenido proteico en cerumen	135
4.6.1.- Papel de la correlación en el análisis de la variación continua	138
4.6.2.- Rectas de regresión	142
4.6.3.- Estimación de la heredabilidad. Cálculo de la varianza fenotípica y ambiental	154

	<u>Págs.</u>
5. DISCUSION	161
6. RESUMEN Y CONCLUSIONES	174
7. BIBLIOGRAFIA	178

1. INTRODUCCION

1. 1. ANATOMIA Y FISIOLOGIA DEL CONDUCTO AUDITIVO
EXTERNO

El conducto auditivo externo es un largo tubo, de una longitud aproximada de 25 mm. que se dirige oblicuamente hacia el interior describiendo sinuosidades. Su pared es fibrocartilaginosa en su cara externa y ósea en las dos caras internas. Está separado del oído interno mediante la membrana del tímpano y recubierto en toda su superficie por una mucosa que es la prolongación de la piel del pabellón. La porción cartilaginosa del conducto auditivo externo está provista de pelos protectores y de glándulas glomerulares (apocrinas), denominadas glándulas del cerúmen (Figura n° 1).

Las glándulas sudoríparas en el hombre, se pueden dividir en dos grupos principales: apocrinas y ecrinas.

Glándulas apocrinas. Se hallan distribuídas por toda la superficie de la piel en un número de 2 a 3 millones. Son particularmente abundantes en cabeza, tronco, palma de la mano y planta del pie. Las secreciones de las glándulas apocrinas se forman a

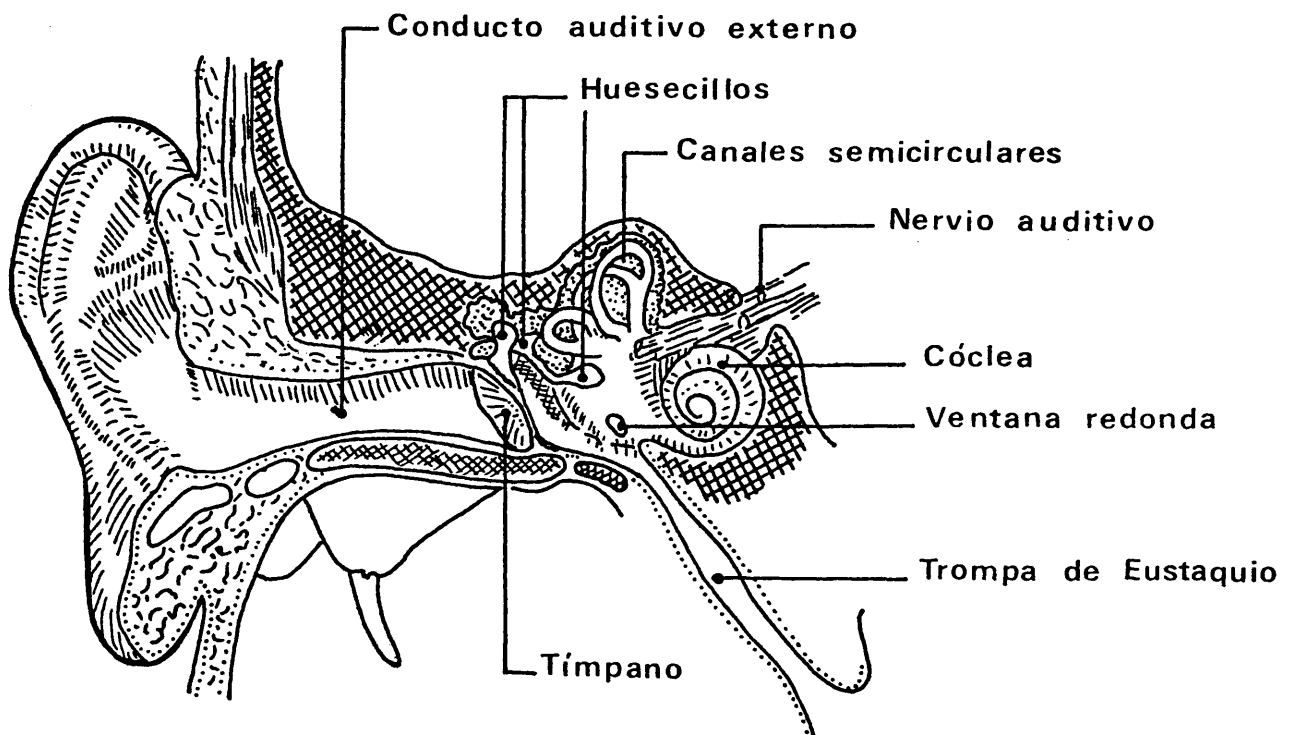


Figura n°1.- Diagrama de la organización de las diversas partes del oído.

nivel celular y su producto se vierte al exterior sin baja de los constituyentes celulares.

Glándulas ecrinas. Son de mayor tamaño que las anteriores, encontrándose sólo en axilas y mamas. Las protuberancias de las glándulas ecrinas al verter la secrección al exterior se rompen y son descargadas junto al líquido secretor.

El producto segregado es de reacción neutra o alcalina, conteniendo ácidos grasos volátiles a los que se debe su olor característico. Unas glándulas semejantes a las apocrinas, llamadas glándulas sudoríparas modificadas, son las glándulas ceruminosas, anejas al conducto auditivo externo (Figuras 2 y 3).

Estas glándulas segregan un líquido de color amarillo claro, cuya misión sería la de reblandecir el cerúmen. Este estaría constituido por el conjunto de productos de descamación, grasas, proteínas y otras sustancias no identificadas que a veces llegan a obstruir el oído. La secrección de las glándulas ceruminosas evitaría, además, la desecación de la piel y la penetración de parásitos gracias a que contienen determinadas sustancias.

Los tubos glandulares tienen una amplia luz y están provistos de un epitelio cúbico cilín-

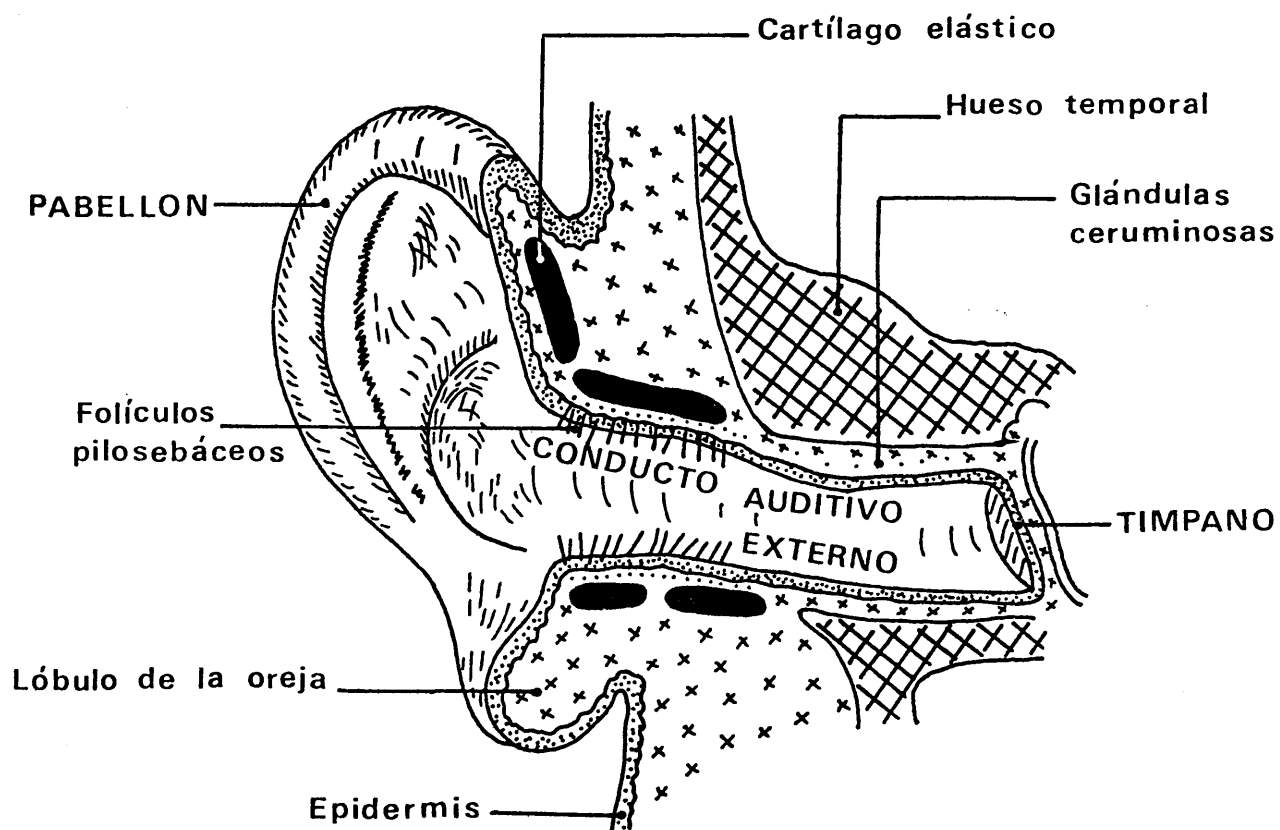


Figura n.º 2.- Diagrama del oído externo en corte longitudinal.

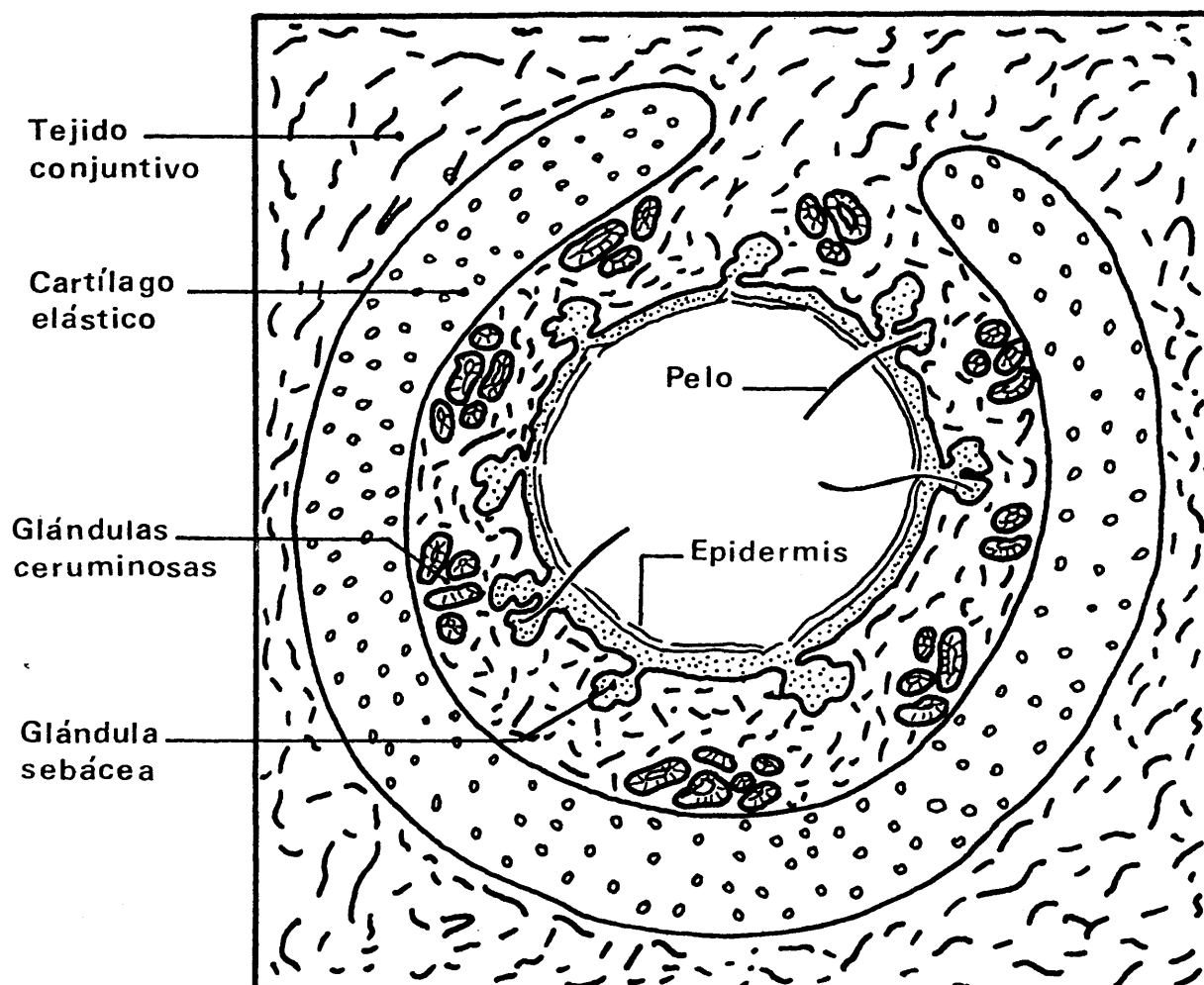


Figura n° 3.- Corte transversal del conducto auditivo externo (M. Optica).

drico que se asienta sobre una gruesa membrana basal.

Algunas glándulas desembocan junto con las sebáceas en los folículos pilosos, aunque la mayor parte de ellas lo hacen en su inmediata proximidad.

1. 2. VARIABILIDAD NORMAL DEL CERUMEN

Se conoce la existencia en el conducto auditivo externo de una de las dos formas fenotípicas húmeda ó seca con que se presenta dicha secreción. La distinción entre estos dos tipos de cerúmen es bastante sencilla pudiéndose hacer directamente mediante un otoscopio o bien extrayendo la muestra.

Fenotipo húmedo. Aparece de color castaño, de aspecto meloso y blando. Su pH. es normalmente ácido. El color amarillento típico puede cambiar, al acumularse en el conducto auditivo externo, en otro casi negruzco.

Fenotipo seco. Es escamoso, quebradizo, oscilando su color desde el gris oscuro al gris claro, tendiendo al blanco.

Es preciso señalar que la actividad de las glándulas ceruminosas empieza en el momento del nacimiento, y la naturaleza del producto segregado no parece cambiar a lo largo de la vida del individuo. La proporción de cerúmen segregado no es igual en el varón que en la mujer, ni en edades tempranas igual que en las tardías, dependiendo en gran parte del estado fisiológico del individuo. En el caso de la mujer, la secreción de cerúmen disminuye netamente con la menopausia y de manera general con la vejez.

Los trabajos de Mc GREGOR (1.960), han demostrado que el funcionamiento de estas glándulas está bajo el control del simpático (tensiones, emociones fuertes, etc.), pudiendo inducir todo ello una mayor producción de cerúmen.

1. 3. PAPEL DEL CERUMEN HUMANO EN EL CONDUCTO AU-
DITIVO EXTERNO

SCHAFFER y SHONFELD (1.958) , afirman claramente que el papel del cerúmen es bacteriostático y fungicida.

Para CASSOLO (1.960) , ese papel protector se ve justificado por la presencia de lisozima. Dicho sistema enzimático se ha podido identificar en las dos formas fenotípicas existentes (PETRAKIS, 1.971) , pero haciendo la salvedad de que la probabilidad de hallar esta sustancia en el cerúmen seco es mayor que en el húmedo.

Un trabajo reciente del mismo autor (PETRAKIS, 1.971) señala la presencia en el cerúmen de Ig. G, y de Ig.A, hallándose las dos en determinados fenotipos secos, mientras que solo la Ig.G, es identificada en algunos fenotipos húmedos. Esto podría sumarse a los mecanismos de defensa que contra las infecciones microbianas y de hongos posee esta secreción externa, defensa que sería respaldada por el hallazgo de las sustancias citadas anteriormente.

Como cosa importante señalaremos que,

tanto la lisozima como las inmunoglobulinas, están asociadas a una gran variabilidad racial (PETRAKIS, 1.971).

La capacidad del cerúmen de inhibir el crecimiento de bacterias y de determinados hongos, se reduce a evitar la proliferación bacteriana y sólo para ciertas especies que no son muy frecuentes en la patología del oído, tales como: Aspergillus, Staphilococcus, Pseudomonas, etc.

SCHAFFER y SCHOFEL (1.958), siguen considerando que, a pesar de este poder inhibidor indiscutible sobre algunos hongos y bacterias variable según la especie, la función principal del cerúmen humano sería la de proteger todo el revestimiento cutáneo del oído externo.

1. 4. COMPOSICION QUIMICA DEL CERUMEN

Los trabajos concernientes a la química del cerúmen son poco numerosos, debido a las dificultades de tipo técnico que trae consigo el manejo de esta sustancia. Sin embargo su importancia

es esencial a la hora de analizar las causas de su patología. Desgraciadamente aún falta mucho por investigar acerca de la bioquímica del cerúmen. Pocos autores son los que se han dedicado a investigar todos los componentes que en mayor o menor cantidad pudieran estar presentes.

El análisis intrínseco realizado hasta ahora por ciertos investigadores tales como SENTURIA, LOWRY, UEDA , etc. (1.955) ha ido dirigido, no a ver la implicación que pudieran tener los componentes bioquímicos con la expresión fenotípica del carácter o incluso con su fisiología o patología, sino que los experimentos estaban limitados a la extracción de muestras y análisis de las mismas solo desde el punto de vista químico sin tener en cuenta la variabilidad humana que dichas sustancias pudieran tener.

En principio el cerúmen humano se puede dividir en dos bloques de sustancias de naturaleza bioquímica claramente definida; una lipídica y proteica, y otra de naturaleza química desconocida, que es la que comunica su sabor amargo.

NAKASHIMA (1.933), fué quien primero llevó a cabo el análisis de la composición química

del cerúmen en japoneses, sin especificar qué forma fenotípica había analizado, aunque se supone que la muestra fué de cerúmen seco, ya que el predominio de este fenotipo es notablemente acusado en individuos Mongoloides.

SENTURIA (1.957), analizó los componentes bioquímicos de muestras de cerúmen correspondientes a Caucasoides, que indudablemente corresponderían en su mayor parte a cerúmen húmedo.

Los resultados numéricos que la bibliografía nos señala respecto a las sustancias presentes en dicha secreción fueron obtenidos por los siguientes autores:

NAKASHIMA (1.933), en las muestras obtenidas de miles de personas, encontró un porcentaje de lípidos del 18% y de proteínas del 43%.

CHIANG, LOWRY y SENTURIA (1.955), analizaron muestras de 38 niños resultando tener 59% de lípidos y 16,6% de proteínas. A continuación elaboraron un total de 82 muestras pertenecientes a individuos adultos, obteniendo un porcentaje medio de lípidos del 48,9% y del 23,8% de proteínas.

Dentro de la fracción lipídica NAKASHIMA

(1.933), encontró colesterol, sustancia que se encuentra en niveles mucho más elevados en el cerúmen húmedo que en el seco, con un porcentaje del 2,48%, constituyendo el 13,8% del material lípido. NAKASHIMA, por métodos de extracción fraccionales, obtuvo, junto al colesterol, una serie de sustancias tales como arginina, ácido cerótico, cistina, histidina, lisina, prolina, tirosina y una sustancia de composición química desconocida de fuerte sabor amargo. BAUER, CARUTHERS y SENTURIA (1.953), demostraron que además de las anteriores sustancias, el cerúmen estaba compuesto por las siguientes: leucina, isoleucina, valina, alanina, treonina, serina, ácido aspártico, glicocola. En 1.954, los autores anteriores descubren que en el cerumen se encuentran los siguientes ácidos grasos: A. araquídico, lignocérico, esteárico, cerótico, mirístico y palmítico.

KATAURA, A. y KATAURA, K. (1.967), analizaron químicamente las diferencias entre cerúmen húmedo y seco, respecto al contenido en aminoácidos libres y unidos, observando que el de aminoácidos libres, en cerúmen seco era mucho más alto que en el húmedo, mientras que la sustancia X de compo-

sición química desconocida se encontró en mayor cantidad en el cerúmen húmedo.

SCHEMEL (1.958), da la siguiente composición química global del cerúmen humano (en porcentajes):

Agua	10,00
Mat. minerales	43,33
Lípidos: Grasas neutras	13,00
Colesterol	22,40
A. cerótico	2,00
Fosfátidos	6,00
Proteínas	23,00
Pigmentos	0,37

Aparte de la identificación de la mayor parte de los componentes bioquímicos del cerúmen, hay que señalar la existencia de dos sustancias de naturaleza proteica claramente definida y de una gran importancia para la posible explicación que se pudiera dar al papel protector de dicha secreción en el conducto auditivo externo. Estas dos sustancias son las Inmunoglobulinas y lisozima, observadas por RTRAKIS (1.971), a unos niveles bastante elevados en determinados fenotipos secos, mientras que en cerúmen húmedo las frecuencias por-

centuales de individuos portadores era mucho menor.

En la forma seca, no sólo se pudo identificar la Ig, G sino que también pudo observarse la Ig, A. Estos hechos refuerzan la hipótesis de la fuerte actividad antimicrobiana sobre todo del cerúmen seco.

La flora que se encuentra en la citada secreción son en general Micrococcus y Corinebacterias, potencialmente patógenas. Sin embargo la lisozima por sí misma no es un agente específico contra determinadas especies patógenas, aunque se haya dicho que podía ser un agente efectivo contra alguna de ellas en presencia de inmunoglobulinas específicas.

Considerando toda la información conseguida en los últimos años para clarificar la composición química del cerúmen, y en vista de los recientes avances en genética bioquímica, sería de gran interés encontrar las diferencias que a nivel molecular pudieran existir entre los dos tipos de cerúmen, así como analizar el papel fisiológico que justificara su papel protector.

2. OBJETO DEL TRABAJO

El objeto de este trabajo consiste en un estudio antropológico y genético del cerumen humano, carácter que presenta una gran variabilidad racial.

El hecho de haberlo elegido como motivo de nuestra Tesis Doctoral es el desconocimiento existente en España acerca de la distribución de sus dos formas fenotípicas: húmeda y seca, así como de varios de sus aspectos genéticos más importantes, entre ellos la confirmación de su tipo de herencia.

Dado que dentro de una misma población las frecuencias alélicas para un determinado rasgo pueden estar sometidas a variaciones graduales, sea por causas ambientales o por la existencia de determinados tipos raciológicos dentro de una misma área geográfica, consideramos oportuno elegir tres regiones españolas claramente definidas tanto geográfica como tipológicamente: Vascongadas, Castilla y Andalucía.

Consideramos vascos a los individuos cuyos ocho primeros apellidos eran de fonética indudablemente vascuence y castellanos y andaluces a los que en su genealogía los padres y a-

buelos procedían de la misma región, respectivamente.

Por consiguiente se ha tratado de analizar en el presente trabajo los siguientes puntos:

1°.- Variabilidad de las frecuencias alélicas del cerumen humano en diversas muestras de población española. Proponer alguna hipótesis para su explicación.

2°.- Variabilidad que expresan el contenido lipídico y proteico del cerumen ya que bajo nuestro punto de vista puede tener importancia racialógica. Las diversas sustancias que integran esta secreción en diversos ambientes quizás tengan cierto valor adaptativo, de tal manera, que las distribuciones de estas sustancias no tienen por que responder de igual forma en los distintos troncos raciales.

3°.- Comprobación de la herencia monómera autosómica por diferentes modelos teóricos.

4°.- Detección de sustancias de especificidad grupal con el fin de analizar la frecuencia en la población española hasta ahora desconocida.

5°.- Dado que la estima de la heredabilidad para cualquier componente del cerumen no había sido calculada por ningún autor nosotros hemos objetivado la correspondiente al contenido proteico así como su varianza genotípica y ambiental.

Con nuestro estudio hemos querido contribuir a un mayor conocimiento antropológico de la población española, esperando que los resultados obtenidos sobre este carácter de gran interés racial se sumen a los ya estudiados en nuestro país.

3. MATERIAL Y METODOS

3. 1. MATERIAL

3. 1.1. Poblaciones estudiadas

Las muestras de cerúmen que se han recogido para la realización del presente trabajo, proceden de las siguientes regiones: Vascongadas, Castilla la Nueva y Andalucía.

Dichas muestras fueron extraídas del conducto auditivo externo, mediante un asa de oftalmología. Se trató de abarcar el mayor número posible de edades y asimismo se anotaron la edad, el sexo y el lugar de procedencia de cada individuo.

El número de datos obtenidos por regiones y la amplitud de edades vienen consignados en el Cuadro n° 1.

CUADRO N° 1

<u>REGION</u>	<u>EDADES (años)</u>	<u>NUMERO</u>
VASCONGADAS	8 - 21	491
CASTILLA LA NUEVA	6 - 18	308
ANDALUCIA	7 - 19	<u>209</u>
	TOTAL	1.008

Para la detección de sustancias específicas de grupo (ABH), se recogieron un total de 188 muestras de cerúmen humano, a individuos procedentes de cualquier punto de España, anotando de igual manera su edad y sexo.

Posteriormente dicha muestra se desglosó por sexos para su tratamiento metodológico (estadístico y genético) de lo que resultó: 73 varones y 115 mujeres.

3. 1.2. Peso medio de las muestras de cerúmen extraídas

El peso de la muestra obtenida oscilaba entre 0,0040 grs. y 0,0080 grs. como término medio, colocándose sobre un porta para su posterior clasificación fenotípica y análisis bioquímico.

3. 1.3. Estudio en familias

Para el análisis de la herencia de dicho carácter polimórfico, se procedió a la recogida de muestras de cerúmen humano en familias, todas ellas ubicadas en la zona centro y su número fué de 115 con un total de 301 hijos.

3. 1.4. Estudio en fratrias

De igual forma, para el estudio de la heredabilidad del carácter se dispuso de 173 fratrias, pertenecientes a las familias anteriormente citadas más las obtenidas de las tres regiones que han sido objeto de estudio en el presente trabajo.

Hay que hacer notar que todas las muestras analizadas proceden de personas sanas, excluyendo todas aquellas que presentaban alguna infección o enfermedad que pudiera afectar a dicha secreción, ya que podría dar lugar a clasificaciones y análisis erróneos.

3. 2. METODOS BIOQUIMICOS

3. 2.1. Medida del contenido lípidico en cerúmen

Para la obtención de los lípidos totales del cerúmen humano, hemos seguido las técnicas de CHIANG, LOWRY y SENTURIA (1.955), modificada posteriormente por UEDA y col. (1.961) y KATAURA (1.962)'

Una vez tomadas las muestras a individuos normales y clasificadas fenotípicamente, fueron almacenadas en frigorífico a -10°C . hasta su posterior análisis.

Siguiendo la técnica de CHIANG y col., se trataban las muestras de la siguiente manera: en 1 cm^2 de papel de celulosa, previamente desengrasado en alcohol absoluto, y completamente seco, se pesaban en una balanza de precisión. A continuación se colocaban las muestras de cerúmen sobre el papel donde eran cuidadosamente envueltas y numeradas.

Una vez realizado ésto, las muestras se llevaban a un desecador de vacío durante 30' para extraer el contenido en agua. Elegimos este tiempo límite porque dado que el peso de las muestras era tan sumamente pequeño sería suficiente para eliminar la humedad que pudieran tener.

El cerúmen se pesaba de nuevo y de la diferencia entre la pesada anterior y la del papel obteníamos el peso real de la muestra. Dicho peso tenía una amplitud de variación desde 0,0040 - 0,0090 gramos; por eso los tiempos de extracción con los líquidos disolventes fueron de 10 minutos.

Cada muestra era tratada con 1 ml. de la

mezcla alcohol absoluto - éter (120° - 140°) en la proporción 3 : 1 durante 10 minutos a 50°C , y transcurrido este tiempo el sobrenadante era extraído con una pipeta Pasteur. El precipitado se trataba de nuevo con 1 ml. de alcohol etílico al 80% durante el mismo tiempo a 50°C . El residuo era desecado en un evaporador de vacío hasta obtener el peso seco de cada muestra.

El total de lípidos fué valorado por la bajada en peso de la muestra después de la extracción con los líquidos disolventes.

A continuación la muestra, totalmente seca, era disuelta con solución salina fisiológica Cl Na 0,9 %, la cual era agitada durante un tiempo, con una posterior centrifugación a 1.500 r.p.m. con el fin de sedimentar la posible existencia de pelos y trozos de escamas presentes en el conducto auditivo externo y así poder valorar posteriormente el contenido protéico total.

3. 2.2. Medida de la cantidad de proteínas

Para medir la cantidad de proteínas presentes en el cerumen humano, se empleó el método colo

rimétrico, de LOWRY y col. (1.951), fundado en la producción de color por el reactivo de Folin-Ciocalteus o de fenoles.

Las muestras fueron medidas en un Spectronic 20, a una longitud de onda de $500\mu\text{m}$, utilizando como proteína patrón seroalbúmina bovina de Merck.

El método de LOWRY se funda en lo siguiente:

Al tratar una proteína con un reactivo de cobre en medio alcalino, se forma un complejo cobre-proteína. Este complejo reacciona con el reactivo de Folin-Ciocalteus, reduciéndose el fosfo-molibdato para dar color azul a pH 10-11.

REACTIVOS.-

Reactivo A	CO_3Na_2 al 20% en Na OH 0,1 N
Reactivo B ₁	SO_4Cu 5 H_2O al 1%
Reactivo B ₂	Tartrato sódico-potásico 2%
Reactivo B	1 B ₁ + 1 B ₂
Reactivo C	1 ml. B + 50 ml. de A.
Reactivo D	1 de Fholing + 1 H_2O

La técnica de medición consiste en lo siguiente:

1°.- Se pone en cada tubo 0,01 cc. de la solución de cerumen y 0,99 cc. de H_2O destilada. Se agita.

- 2°.- Se añade a los tubos 5 cc. del reactivo C, los cuales se agitan dejándoles en incubación a temperatura ambiente durante 10 minutos.
- 3°.- Pasado el tiempo anterior, se pone 0,5 cc. de la solución D incubándose el mismo tiempo.
- 4°.- Lectura de cada muestra en un Spectronic 20, a $500\mu\text{m}$.

3. 2.3. Obtención de la sustancia Anti-H en Ulex europaeus

El extracto de semillas de Ulex europaeus (anti-H) fué preparado de acuerdo con la técnica de BOORMAN y DODD(1.961). Las semillas fueron trituradas en un mortero hasta obtener un polvo fino; a continuación se pesaron y, por cada gramo de semillas trituradas, se pusieron 10 ml. de solución salina fisiológica 0,9%. Todo ello se agitó durante 1 hora fuertemente y a continuación se centrifugó a 3.600 r.p.m. durante 30 minutos. El sobrenadante de color amarillo pálido fué decantado a un filtro de papel para su clarificación.

3. 2.4. Preparación de las muestras de sangre y cerumen para la detección de antígenos grupales (ABH).

La sangre utilizada fue extraída a todas aquellas personas a las que se les había obtenido el cerumen. Los glóbulos rojos fueron lavados dos veces seguidas con solución salina 0,9% preparando a continuación una suspensión de los mismos al 3%.

El cerumen que se había almacenado hasta su posterior elaboración fue diluido a 1/50 (siempre la dilución fue hecha en solución salina fisiológica Cl Na 0,9%), poniéndose a continuación al baño María a 60°C durante 15 minutos, centrifugándose a 1.500 r.p.m. durante el mismo tiempo.

El sobrenadante era utilizado inmediatamente para la detección de las posibles sustancias con carácter antigénico de especificidad grupal en el cerumen.

Para detectar los antígenos grupales del sistema ABH en la mencionada secreción fue seguido el método de "hemoaglutinación-inhibición".

Las diluciones de cerumen fueron hechas en la siguiente escala:

1/50 1/100 1/150 1/200 1/250 1/350 1/400
1/450 1/500.

3. 2.5. Obtención de la titulación Anti-A, Anti-B y Anti-H para cerumen humano.

Los títulos de inhibición-aglutinación del cerumen de individuos secretores de grupo sanguíneo A, B. C han sido determinados usando suero Anti-A, Anti-B y extracto de semillas de Ulex europaeus, para Anti-H.

El "título", es por definición el inverso de la última dilución que da lugar a una aglutinación macroscópicamente visible.

Para la obtención del título de Anti-A y Anti-B se dispusieron de tres filas de tubos, cada una de ellas integrada por un número de 10. Se prepararon las diluciones de suero específico desde 1/1 hasta 1/512. En el primer tubo se colocaron 1 ml. de antisuero A o B dependiendo del grupo sanguíneo del individuo y en los restantes 20 μ l. de solución salina fisiológica. Para la obtención de la dilución 1/4 se cogieron 20 μ l del tubo 2, pasándolo al número 3, y así de forma sucesiva hasta obtener la 1/512.

En la segunda fila, se colocaron la serie de los 10 tubos, que correspondería a la serie patrón. En ellos se pusieron $20\mu\text{l.}$ de cada uno de los tubos, más $20\mu\text{l.}$ de solución salina. La tercera fila, integrada por el mismo número de tubos, se pusieron en cada uno de ellos, $20\mu\text{l.}$ del correspondiente tubo anterior, añadiéndolos a continuación la dilución de muestra problema, eligiendo el nivel límite de dilución de cerumen 1/50. Todos ellos se dejaron 15 minutos a la temperatura ambiente y pasado este tiempo, se les añadió $20\mu\text{l.}$ de una suspensión de eritrocitos al 3% centrifugándolo a 1.500 r.p.m. A continuación se observó en el caso de ser secretor, la titulación correspondiente a la dilución de cerumen problema.

La media de los títulos de inhibición de cerumen de individuos de grupo sanguíneo A y B fué de 1/32.

Para la obtención de la titulación de individuos 0, se siguió la misma metodología, con la excepción de que la serie de diluciones de Anti-H, fueron de 1/10 hasta 1/100, obteniéndose como media de titulaciones 1/50.

3. 2.6. Método para la obtención de sustancias
con capacidad antigenica de especificidad
grupal en el cerumen

Se prepararon en 10 tubos de hemolisis la serie de diluciones de cerumen humano anteriormente citada, desde 1/50 a 1/500. De cada uno de ellos se pasaron 10 μ l. a otra serie de tubos, a los que les añadieron 10 μ l. del suero correspondiente con la titulación de 1/2 o de 1/50, según se tratara del grupo sanguíneo A, B, ó 0, dejándolos en incubación durante 15 minutos, a temperatura ambiente. Pasado este tiempo se les añadió 20 μ l. de una suspensión de eritrocitos al 3% del grupo sanguíneo que correspondiera.

Se adoptó la siguiente terminología:

- (-) Inhibición total de aglutinación.
- (+) Aglutinación parcial.
- (+) Aglutinación normal.
- (++) Aglutinación notable.
- (+++) Gran aglutinación.

3. 3. METODOS GENETICOS

3. 3.1. Cálculo de las frecuencias alélicas.

Basados en los datos obtenidos y sin que guardasen ninguna relación de parentesco hallamos las frecuencias alélicas para cada uno de los tipos de cerumen y dentro de cada muestra de población.

Se emplearon los siguientes símbolos:

q = frecuencia alélica responsable del caracter seco.

p = " " " " " húmedo.

S para el fenotipo seco.

H para el feonotipo húmedo.

Los valores de "q" y su varianza, se calcularon según las ecuaciones derivadas del método de la máxima verosimilitud, (NELL y SCHULL, 1.954).

$$q = \sqrt{\frac{n_s}{N}}$$

n_s = número de individuos portadores de cerumen seco.

N = " " " que integran la muestra.

$$\sigma_q^2 = \frac{(1 - q^2)}{4N}$$

$$\text{de donde } q = \sqrt{\frac{2n(S \times S) + n(H \times S)}{2N}}$$

siendo:

M = número total de matrimonios.

n = número de matrimonios en que al menos uno de los conyuges presenta cerumen seco.

S = fenotipo seco.

H = fenotipo húmedo.

Las frecuencias teóricas fueron calculadas según el modelo de Snyder, considerando los tipos de cruzamientos y su descendencia (Cuadro n° 2). La proporción de recesivos en la descendencia se obtuvo mediante las siguientes expresiones:

$$s_1 = \frac{2pq^3}{2q^2(1-q^2)} = \frac{q}{1-q}$$

$$s_2 = \frac{p^2q^2}{p^2(1-q)^2} \cdot \frac{q^2}{(1-q)^2} = s_1^2$$

En el tratamiento de las fratrias, el método que se siguió para valorar la heredabilidad del carácter y ver la existencia ó no de herencia monómera fué el utilizado por PONS (1.960) en un estudio sobre la PTC.

3. 3.2. Método de Snyder.

Los datos pertenecientes a familias, fueron tratados según dicho método, aceptando la hipótesis de que la forma húmeda de cerumen es dominante sobre la forma seca, por lo que aparecieran sólo tres formas de cruzamientos diferentes:

HUMEDO X HUMEDO

HUMEDO X SECO

SECO X SECO

CUADRO N° 2

TIPOS DE CRUCES Y DESCENDENCIA EN UNA POBLACION PANMICTICA CUANDO HAY DOMINANCIA

<u>Tipos de matrimonios</u>	<u>Frecuencias de matrimonios</u>	<u>Descendencia</u>	
		<u>dominante</u>	<u>recesivo</u>
DOM X DOM	$(1-q^2)^2$	$p^2(1+2q)$	p^2q^2
DOM X REC	$2q^2(1-q^2)$	$2pq^2$	$2pq^2$
REC X REC	q^4	0	q^4
TOTAL	1,000	$1-q^2$	q^2

3. 3.3. Método de Fisher para la prueba de herencia dominante

Para poder emplear este método se requiere información de dos generaciones, admitiéndose que los matrimonios son al azar.

Los cruzamientos se clasifican según los diferentes fenotipos:

- 1.- Los dos padres son dominantes para el carácter considerado, $D- \times D-$.
- 2.- Un padre es dominante y el otro recesivo, $D- \times dd$.
- 3.- Ambos padres son recesivos, $dd \times dd$.

Este método se basa en el cálculo de la probabilidad (según el tamaño de la familia) de aparición de fenotipo dominante en la descendencia.

1. Matrimonios $D- \times dd$.

1.a.- Que toda la descendencia sea $D-$.

Por ejemplo en el caso de cruzamientos $D- \times dd$, la probabilidad que toda la descendencia sea $D-$ será 1, cuando los padres son $DD \times dd$.

Igualmente la probabilidad de que un hijo sea $D-$, cuando el matrimonio es $Dd \times dd$ será $1/2$

Por tanto la probabilidad de que un hijo sea D-,
dado el matrimonio D- x dd será:

$$P (D- / D- \times dd) = P (DD / D-) + 1/2 P (Dd / D-) =$$

$$= \frac{P}{p + 2q} + 1/2 \left(1 - \frac{P}{p + 2q} \right)$$

entonces la probabilidad que la descendencia de tamaño "s", de un determinado cruzamiento, sea D- será:

$$P (D_s^- / D- \times dd) = \frac{P}{p + 2q} + (1/2)^{\bar{s}} \left(1 - \frac{P}{p + 2q} \right)$$

siendo la expresión general:

$$E (N_s) = N_s P (D_s^- / D- \times dd)$$

donde N_s , es el número observado de familias de tamaño "s".

1.b.- Que algún hijo sea dd.

El número esperado de tales familias, se obtendrá, restando el número total de familias observadas para el mismo tipo de cruzamiento, del número de familias esperadas en la que toda la descendencia sea D-.

2. Matrimonios D- x D-.

Dentro de este tipo de cruzamiento, y dado que el alelo D es dominante sobre d, el número total de cruzamientos, considerando todos los genotipos posibles son:

DD x DD

DD x Dd

Dd x Dd

Cuando al menos uno de los padres es DD, la probabilidad que la descendencia sea D-, será 1. Mientras que cuando ambos padres son Dd, la probabilidad de que el fenotipo D- aparezca será de 3/4.

2.a.- Toda la descendencia es D-.

Dado el matrimonio D- x D-, la probabilidad de que un hijo sea D-, es la suma de las probabilidades que al menos uno de los padres sea DD y 3/4 la probabilidad de que ambos padres sean Dd.

$P(D- / D- \times D-) = 1 P(\text{al menos uno sea DD} / \text{ambos D-}) + 3/4 P(\text{ambos sean Dd} / \text{ambos D-}).$

$$P(D- / D- \times D-) = \left[1 - \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2 \right] + 3/4 \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2$$

Por tanto, la probabilidad de que la descendencia de tamaño s de una familia en particular, sea D-

$$P(D_s / D- \times D-) = \left[1 - \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2 \right] + \\ + (3/4)^s \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2$$

Así, el número total de familias esperadas, en la que todos los hijos fueran D-, será:

$$\sum_s N_s \left[1 - \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2 \right] + (3/4)^s \left(\frac{2q}{p + 2q} \right)^2$$

2.b.- Que algún hijo sea dd.

La obtención del número de familias con algún hijo dd, se obtiene de la misma forma ya referida en el apartado 1a.

3. 3.4. Método de Penrose

Es aplicable solo a caracteres dominantes, los cuales parece estar controlados por un locus con dos o más alelos.

Para poder utilizar este método, se re-

quiere la información de fratrias. Una vez distribuidas éstas, se procede a la repartición en grupos de hermanos, de los cuales las cuatro posibles combinaciones serían:

- 1.- Ambos hermanos de fenotipo dominante. DD.
- 2.- El hermano mayor dominante y el menor recesivo.
DR.
- 3.- El hermano mayor recesivo y el menor dominante.
RD.
- 4.- Ambos hermanos recesivos. RR.

Las frecuencias teóricas se obtienen de acuerdo con la hipótesis de proporcionalidad simétrica, según la relación:

$$t^2 : t (1 - t) : (1 - t) t : (1 - t)^2$$

t = proporción de individuos con fenotipo dominante.

$1 - t$ = proporción de individuos con fenotipo recesivo.

$$t = \frac{2n (DD) + n DR + n RD}{2 N}$$

Una vez analizado si el caracter es ó no heredable, se calcula las probabilidades correspondientes a los cuatro posibles pares de hermanos, en

términos de "q", siendo $q = 1 - t$.

Las probabilidades correspondientes a los cuatro posibles pares de hermanos son:

1.- Ambos hermanos son de fenotipo húmedo (HH).

$$1/4 (1 - q) (4 + 4 q - 3 q^2 - q^3).$$

2.- El hermano mayor es portador de fenotipo húmedo

y el menor de seco (HS). $1/4 q^2 (1 - q) (3 + q).$

3.- El hermano mayor es portador de cerumen seco y el hermano menor de cerumen húmedo (SH).

$$1/4 q^2 (1 - q) (3 + q).$$

4.- Ambos hermanos tienen cerumen seco (SS).

$$1/4 q^2 (1 + q)^2.$$

Las frecuencias teóricas se hallan multiplicando a cada tipo de par por el número total del grupo que se considerase.

3. 4. MÉTODOS ESTADÍSTICOS

3.4.1. Cálculo de los parámetros de posición y dispersión.

Una vez logrados un número de datos satisfactorios en las tres poblaciones, se procedió a

su tratamiento estadístico.

Los primeros parámetros que calculamos fueron el valor medio o media aritmética y la desviación típica. El primero como medida de posición y el segundo como medida de dispersión. Dichos parámetros estadísticos iban acompañados por sus errores.

$$\bar{x} = \frac{f \cdot x}{N} \quad e_{\bar{x}} = \frac{\sigma}{\sqrt{N}}$$
$$\sigma_q^2 = \frac{(x - \bar{x})^2}{N} \quad e_{\sigma} = \frac{\sigma}{\sqrt{2 \cdot N}}$$

de donde:

f = frecuencia de cada clase.

x = clases de la distribución.

\bar{x} = media aritmética.

σ = desviación típica.

N = número total de datos de la muestra considerada.

También se utilizó el coeficiente de variación (V), como medida de la variabilidad de la muestra

$$V = \frac{\sigma}{\bar{x}} \cdot 100 \quad e_v = \frac{V}{\sqrt{2N}}$$

Dentro de cada población y para cada

forma fenotípica húmeda y seca, dibujamos el histograma para ver el tipo de distribución de los valores de lípidos y proteínas totales. El histograma correspondiente a fenotipos secos solo se pudo realizar en la muestra vasca ya que en el resto, la frecuencia de cerumen seco analizado fué tan bajo que para trazar dicha distribución se hubiera tenido que hacer un muestreo muy superior al realizado; por esta razón sólo se tomaron las distribuciones correspondientes a fenotipos húmedos en Castellanos y Andaluces.

Como norma, en abscisas se representaron las clases y en ordenadas las frecuencias.

Del mismo modo se trazaron los polígonos de frecuencia correspondientes a cada variable (para fenotipos húmedos), pero separados por sexos. El problema era obtener el número de clases óptimo para poder paliar lo más posible el efecto Sheppard. El número más conveniente fué alrededor de 20 ya que a nosotros solo nos interesaba ver de forma gráfica como se distribuía la muestra. Conociendo pues el tipo de distribución procedimos al ajuste de la curva normal mediante el "método de χ^2 ", y asimismo hallamos el grado de asimetría que presen

taban las curvas normales pertenecientes a cada una de las variables.

$$\text{Asimetría} = \frac{(x - \bar{x})^3 / N}{3}$$

3. 4.2. Método de χ^2 .

Es una prueba, que permite determinar si determinadas frecuencias obtenidas de la observación de una serie de caracteres difieren significativamente de las frecuencias que teóricamente cabría esperar.

$$\chi^2 = \frac{(F_e - F_t)^2}{F_t}$$

F_e = frecuencias empíricas.

F_t = frecuencias teóricas.

3. 4.3. Comparación de promedios "t" de Student.

Para la estimación del dimorfismo sexual respecto de caracteres cuantitativos, se utilizó la

"t" de student.

$$t = \frac{\bar{x}_1 - \bar{x}_2}{\sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}} \quad \sigma' = \sqrt{v'}$$

$$v' = \frac{v_1 (n_1 - 1) + v_2 (n_2 - 1)}{n_1 + n_2 - 2}$$

\bar{x}_1 y \bar{x}_2 = valores medios en las variables en cada una de las poblaciones estudiadas.

n_1 y n_2 = número total de datos de cada muestra.

3. 4.4. Análisis de la varianza

Fué otra de las pruebas estadísticas utilizadas, para estimar las posibles diferencias entre grupos de promedios.

Fuentes de variación	Suma de cuadrados	Grados de L.
Entre grupos	$\sum n_{m,m}(\bar{x}_m - \bar{X})^2$	$m - 1$
Dentro de cada grupo	$\sum (x_{n,m} - \bar{x}_n)^2$	$m(n - 1) = N - m$
TOTAL	$\sum (x_{n,m} - \bar{X})^2$	$N - 1$

$$\begin{array}{l}
 \text{Varianza} \\
 \frac{\sum n, m (\bar{X}_m - \bar{X})^2}{m - 1} \\
 \\
 \frac{\sum (x_{n, m} - \bar{X}_m)^2}{N - m}
 \end{array}
 \quad
 R_V = \frac{\text{Varianza entre grupos}}{\text{Varianza dentro de los grupos}}$$

3. 4.5. Cálculo del coeficiente de correlación y recta de regresión

El cálculo del coeficiente de correlación fué utilizado, con el fin de ver el grado de dependencia entre dos variables.

$$r = \frac{\sum (x - \bar{x}) (y - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x - \bar{x})^2 \sum (y - \bar{y})^2}}$$

$$-1 \leq r \leq 1$$

Una vez conocido el grado de interdependencia, se observó su forma, por medio del coeficiente de regresión y ecuaciones de la recta de regresión.

$$y - \bar{y} = b_{y/x} (x - \bar{x}) \quad b_{y/x} = \frac{(x - \bar{x}) (y - \bar{y})}{(x - \bar{x})^2}$$

$$x - \bar{x} = b_{x/y} (y - \bar{y}) \quad b_{x/y} = \frac{(x - \bar{x}) (y - \bar{y})}{(y - \bar{y})^2}$$

3. 4.6. Estimación de la heredabilidad, por medio del análisis de regresión y varianza.

La estima de la heredabilidad, junto a la varianza ambiental y genotípica, fueron los pultimos métodos estadísticos empleados en nuestro trabajo:

(1) Comoquiera que la $V_P = V_G + V_E$

V_P = varianza fenotípica.

V_G = Varianza genotípica.

V_E = Varianza ambiental.

y sabiendo que el coeficiente de regresión (b) es igual a:

$$b_{\bar{O}\bar{P}} = 1/2 h^2.$$

$$b_{\bar{O}\bar{P}} = h^2.$$

la varianza aditiva se podrá obtener a partir de la fórmula:

$$V_A = h^2 \cdot V_P.$$

Fundándonos en (1), la $V_E = V_P - V_A$.

El cálculo de la heredabilidad por análisis de la varianza se basa en objetivar en principio, el coeficiente de correlación intraclase (t), definiendo este como el componente entre grupos en proporción a la varianza total.

$$t = \frac{\sigma_B^2}{\sigma_B^2 + \sigma_W^2} = \frac{V_G}{V_T}$$

σ_B^2 = varianza entre grupos.

σ_W^2 = varianza dentro de los grupos.

t = correlación intraclase de valores fenotípicos.

Esta correlación intraclase, expresa el grado de semejanza entre los individuos de los grupos.

El valor de "t", puede oscilar entre 0 y 1.

$$V_P = \frac{\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{n}}{n - 1}$$

El error standar del coeficiente de regresión b:

$$\sigma_b = \frac{b}{\sqrt{\frac{(n - 2) \sum x_i^2 y_i}{\sum y_i^2 - b \sum x_i \cdot y_i}}}$$

4. RESULTADOS

4. 1. VARIABILIDAD DEL CERUMEN HUMANO

4. 1.1. Aspectos antropológicos de los distintos tipos de cerumen

ADACHI (1.933), fué el primer autor en señalar la asociación que había entre los distintos tipos de cerumen y el olor axilar. Obtuvo datos de varios grupos étnicos: habitantes de distintas regiones del Japón, Norte de China, Corea e islas de Ryukiu, encontrando como conclusión esencial, la existencia de una marcada variabilidad racial en las frecuencias de dichos tipos. Posteriormente fueron apareciendo diversos trabajos que confirmaban esa variabilidad observada por ADACHI.

MATSUNAGA y EBBING (1.956), investigaron en una muestra de población europea (alemanes del distrito de Westphalia), la incidencia de las dos formas de cerumen, encontrando un porcentaje del 94,7% de cerumen húmedo frente a un 5,3% de seco, entre un total de 514 personas examinadas.

Igualmente han obtenido en Amerindios, frecuencias intermedias de cerumen seco respecto a las halladas en poblaciones Mongoloides y Cacucasoides. Existe, pues, una variabilidad racial bien demostrada

para el carácter que nos ocupa. Más adelante se explicarán las posibles causas que han dado lugar a esta variación de las frecuencias alélicas.

4. 1.2. Variabilidad del caracter investigado en la población española: vascos, castellanos y andaluces.

En el Cuadro nº 3, se muestran las frecuencias porcentuales de cerumen húmedo y seco en las tres muestras de población española desglosadas por sexos. Como se observa en dichos resultados, existe una gran diferencia en las frecuencias respecto a las halladas por MATSUNAGA (1.962), OMOTO (1.971), SAWSON (1.974), en personas pertenecientes al tronco racial Mongoloide, y las obtenidas por PETRAKIS (1.969), MARTIN y JACKSON (1.969), en Indios Americanos (Cuadro nº 7).

4. 1.3. Análisis de las diferencias entre los sexos

A la vista de las frecuencias porcentuales obtenidas, se hicieron las correspondientes pruebas de significación para cada muestra en particular, con

CUADRO N° 3

FRECUENCIAS PORCENTUALES DE CERUMEN HUMEDO Y SECO EN DIVERSAS MUESTRAS DE POBLACION ESPAÑOLA

GRUPOS	CERUMEN HUMEDO			CERUMEN SECO		
	N	H	% S.E. (%)	S	% S.E. (%)	
Vascos ♂	305	293	96,0655 + 1,1131	12	3,9344 + 1,1131	
Vascos ♀	186	173	93,0107 + 1,8694	13	6,9892 + 1,8694	
Total ♂ + ♀	491	466	94,9083 + 1,4912	25	5,0916 + 1,4912	
Castellanos ♂	96	93	96,8750 + 1,7758	3	3,1250 + 1,7758	
Castellanos ♀	212	208	98,1130 + 0,9344	4	1,8867 + 0,9394	
Total ♂ + ♀	308	301	97,7272 + 1,3551	7	2,2727 + 1,3551	
Andaluces ♂	99	98	98,9898 + 1,0049	1	1,0101 + 1,0049	
Andaluces ♀	110	109	99,0909 + 0,9049	1	0,9090 + 0,9049	
Total ♂ + ♀	209	207	99,0430 + 0,9549	2	0,9569 + 0,9549	

el fin de comprobar la existencia o no de dimorfismo sexual respecto a este carácter, obteniéndose los resultados siguientes:

CUADRO N° 4

GRUPO	χ^2	G.L.	P %
VASCOS	2,2603	1	10 - 20
CASTELLANOS	0,7037	1	30 - 50
ANDALUCES	0,0560	1	80 - 90

Los tres valores de P demuestran la ausencia de dimorfismo sexual, si bien cabe destacar en la muestra vasca, para el carácter estudiado, una elevada diferencia entre los sexos, pero dado que no alcanza el nivel de significación del 0,05 no se puede afirmar por el momento la existencia de dimorfismo sexual en dicha población.

4. 1.4. Cálculo de las frecuencias alélicas

MORITA (1.947), TAKAMIYA (1.952), MATSUNAGA (1.954), PETRAKIS (1.967), entre otros, afirman que el tipo de herencia del cerumen humano parece respon-

der a un tipo mendeliano simple. Por consiguiente, con los datos obtenidos para la distribución de frecuencias porcentuales en las diferentes muestras de población española, hallamos las frecuencias alélicas "p" y "q" respectivamente para H y S responsables del carácter húmedo y seco, así como la varianza de "q" de acuerdo con las siguientes ecuaciones derivadas del método de la máxima verosimilitud (NEEL y SCHULL, 1.954)

$$q = \sqrt{\frac{n_s}{N}} \quad \sigma_q^2 = \frac{1 - q^2}{4 N}$$

siendo n_s = número de individuos portadores de cerumen seco.

N = número total de individuos que integran la muestra.

Los valores correspondientes a dichas frecuencias alélicas figuran en el Cuadro n° 5.

Dado que no existe dimorfismo sexual (Cuadro n° 4) se reunieron los datos de varones y mujeres para cada población.

4. 1.5. Estimaciones de las diferencias entre las tres muestras de población española

Se utilizó la prueba de χ^2 para estimar las

CUADRO N° 5

CALCULO DE "p" "q" y " σ_q " , REFERENTE A LOS DOS TIPOS DE CERUMEN: HUMEDO Y SECO

	N	p	q	σ_q
Vascos ♂	305	0,8017	0,1983	0,3274
Vascos ♀	186	0,7357	0,2643	0,0353
♂ + ♀	491	0,7743	0,2256	0,0219
Castellanos ♂	96	0,8283	0,1767	0,0502
Castellanos ♀	212	0,8627	0,1373	0,0340
♂ + ♀	308	0,8493	0,1507	0,0281
Andaluces ♂	99	0,8995	0,1005	0,0499
Andaluces ♀	110	0,9043	0,0957	0,0476
♂ + ♀	209	0,9019	0,0981	0,0485

CUADRO N° 6

COMPARACION ENTRE LAS DISTINTAS MUESTRAS DE POBLACION ESPAÑOLA

Población	F. húmedo	F. seco	χ^2	G.L.	P
Vascos	466	25			
Castellanos	301	7	3,9119	1	0,10 - 0,05
Vascos	466	25			
Andaluces	207	2	6,7582	1	0,01 - 0,001
Castellanos	301	7			
Andaluces	207	2	1,2602	1	0,30 - 0,20

posibles diferencias entre estas muestras de población española, obteniendo el máximo valor de χ^2 entre vasos y andaluces (Cuadro nº 6).

Las posibles causas que han podido dar lugar a estas variaciones vienen explicadas en la discusión.

4. 1.6. Comparación con otros grupos étnicos

En el Cuadro nº 7, se expresan las frecuencias porcentuales y alélicas de ambos tipos de cerumen, en los distintos grupos, incluyendo los obtenidos por nosotros en la población española. Se observaron que nuestros resultados caen dentro de la amplitud de variación de los otros grupos Caucasoides.

Las frecuencias de los tipos de cerumen varían con la latitud geográfica, de modo que la frecuencia del alelo "S" decrece progresivamente de Norte a Sur. Las diferencias genéticas entre las diferentes razas de la humanidad son bastante complejas no afectando a un solo gen sino a un número de genes considerable.

Como se puede observar, la variabilidad racial que expresa el cerumen humano, en los diferen-

CUADRO N° 7

DISTRIBUCION DE LAS FRECUENCIAS FENOTIPICAS (EXPRESADAS PORCENTUALMENTE) Y ALElicas DE LOS DOS TIPOS DE CERUMEN EN DIFERENTES

GRUPOS RACIALES

GRUPOS	C. húmedo			C. seco			AUTORES		
	N	n°	%	n°	%	p			
1. COREANOS	381	29	7,61	352	92,39	0,0389	0,9611	0,0037	ADACHI, 1.937
2. TUNGUESES	368	37	10,05	331	89,95	0,0517	0,9483	0,0082	KINOSHITA, 1.939
3. MONGOLES (KHALKHA)	778	103	13,24	675	86,76	0,0686	0,9314	0,0065	IMAMURA, 1.942
4. JAPONESES	23.417	3.810	16,27	19.607	83,73	0,0850	0,9150	0,0013	MATSUNAGA, 1.962
5. CHINOS (TAIWAN)	463	98	21,16	365	78,83	0,1122	0,8878	0,0106	KUTSUMA, 1.939
6. INDIOS NAVAHO	183	77	36.61	116	63,38	0,2039	0,7961	0,0223	PETRAKIS, 1.969
7. AINU	322	149	46,27	173	53,73	0,2671	0,7329	0,0189	K. OMOTO, 1.970
8. ISLAS RYUKYU	402	197	49,00	205	50,94	0,2859	0,7141	0,0174	KANASEKI Y NAGAI, 1.968
9. MICRONESIOS	458	285	62,23	173	37,87	0,3811	0,6145	0,0184	ADACHI, 1.937
10. ESQUINALES	157	99	63,06	58	36,94	0,3922	0,6078	0,0316	PAWSON, F. MILAN, 1.974
11. INDIOS SIOUX	147	93	63,27	54	36,73	0,3940	0,6060	0,0328	PETRAKIS, MOLOHON, 1.967
12. INDIOS CHILCOTIN	261	174	66,67	87	33,33	0,4227	0,5773	0,0399	PETRAKIS, 1.969
13. ABORIG. DE FORMOSA	1.420	1.014	71,41	406	28,59	0,4653	0,5347	0,0112	ADACHI, 1.937
14. INDIOS CHOCTAW	432	340	79,17	90	20,83	0,5436	0,4564	0,0214	MARTIN Y JACKSON, 1.969
15. ESPAÑOLES (VASCOS)	491	466	94,91	25	5,09	0,7743	0,2256	0,0219	CALDERON, 1.976
16. ALEMANES	514	498	96,89	16	3,11	0,8236	0,1764	0,0217	MASUNAGA Y EBBING, 1.954
17. ESPAÑOLES (CASTELLAN.)	308	301	97,73	7	2,27	0,8493	0,1507	0,0281	CALDERON, 1.976
18. ESPAÑOLES (ANDALUCES)	209	207	99,04	2	0,96	0,9022	0,0978	0,0485	CALDERON, 1.976
19. AMERICANOS NEGROS	200	199	99,50	1	0,50	0,9293	0,0707	0,0608	PERRY, 1.957
20. NEGROS AFRICA CENTRAL	51	51	100,00	0	0,00	1,0000	0,0000	0,0700	PETRAKIS, 1.969

tes grupos étnicos, puede ser debido a diversos factores tales como selección, mezcla racial y deriva genética, la cual tiene un gran significado en grupos totalmente aislados. De esta manera, se han ido constituyendo conjuntos de poblaciones caracterizadas por la frecuencia de un cierto número de genes particularmente adaptados a las condiciones locales.

Volviendo al Cuadro nº 7 las fluctuaciones que presentan las frecuencias alélicas podrían interpretarse como un efecto de deriva genética. Pero las grandes diferencias en la incidencia de los dos tipos de cerumen en los grandes troncos raciales, no se pueden justificar sino como un posible efecto de la selección natural. El mecanismo genético del polimorfismo equilibrado, es uno de los grandes problemas con los que se presenta la genética de poblaciones.

FISHER (1.930) y FORD (1.940) piensan que la mayor parte de los caracteres polimórficos se mantienen gracias a la selección natural, favoreciendo con más frecuencia a los heterozigotos que a los homozigotos, bajo determinadas condiciones ambientales. Si esto es cierto, podríamos dar una diferencia de valor selectivo entre las personas portadoras de una u otra forma de cerumen, por lo que podría encontrarse

se una asociación entre determinados tipos de cerumen con diferentes clases de viabilidad.

Algunos trabajos (MATSUNAGA, 1.962; PETRAKIS, 1.971) parecen demostrar una asociación entre cerumen húmedo con arteriosclerosis y con cancer de mama. Dado lo poco que se conoce acerca de la fisiología de dicha secreción y el papel exacto que desempeña en el conducto auditivo externo, sería prematuro aceptar tales resultados, sin tener nuevos descubrimientos que lo confirmasen.

ADACHI (1.937), sugirió una asociación entre el cerumen húmedo y sudor, hecho que corroboraría la relación que puede tener dicha secreción corporal con determinados procesos metabólicos.

Por consiguiente y en resumen, la variabilidad en las frecuencias de los tipos de cerumen en los diversos troncos raciales puede ser efecto de la selección natural, dando lugar a la fijación de determinados genotipos en un medio ambiente preferencial.

4. 1.7. Existencia de un gradiente o "cline" para el cerumen

La distribución del alelo "S" responsable del cerumen seco obedece a una variación clinal que

va desde el Hemisferio Norte al Hemisferio Sur. Dicho fenómeno fué confirmado por KEICHI y OMOYO (1.970) en poblaciones asiáticas comprobando que la frecuencia de dicho alelo, varía según un gradiente que decrece con regularidad del Noroeste al Suroeste de Asia.

La ocurrencia del citado fenómeno fué igualmente observado por MCCULLOUGH y GILES (1.970), en Indios Americanos. Dichos autores sugieren que la distribución clinal de frecuencias respecto a los tipos de cerumen puede estar relacionada a una alta temperatura y un elevado grado de humedad.

Sin embargo, la correlación existente entre frecuencias de cerumen humedo y grado de humedad no es del todo cierta ya que ésto no corresponde a otras poblaciones estudiadas, como por ejemplo en aborígenes australianos que viviendo en un medio árido y seco su frecuencia de cerumen humedo era próxima al 100% (OMOTO, datos sin publicar).

Otras hipótesis de dicho autor que aluden a esa distribución clinal son:

- a) La migración de la población Mongoloide desde el Noroeste de Asia al Sur después de la última glaciación.
- b) O la ocurrencia de una mutación génica que diese

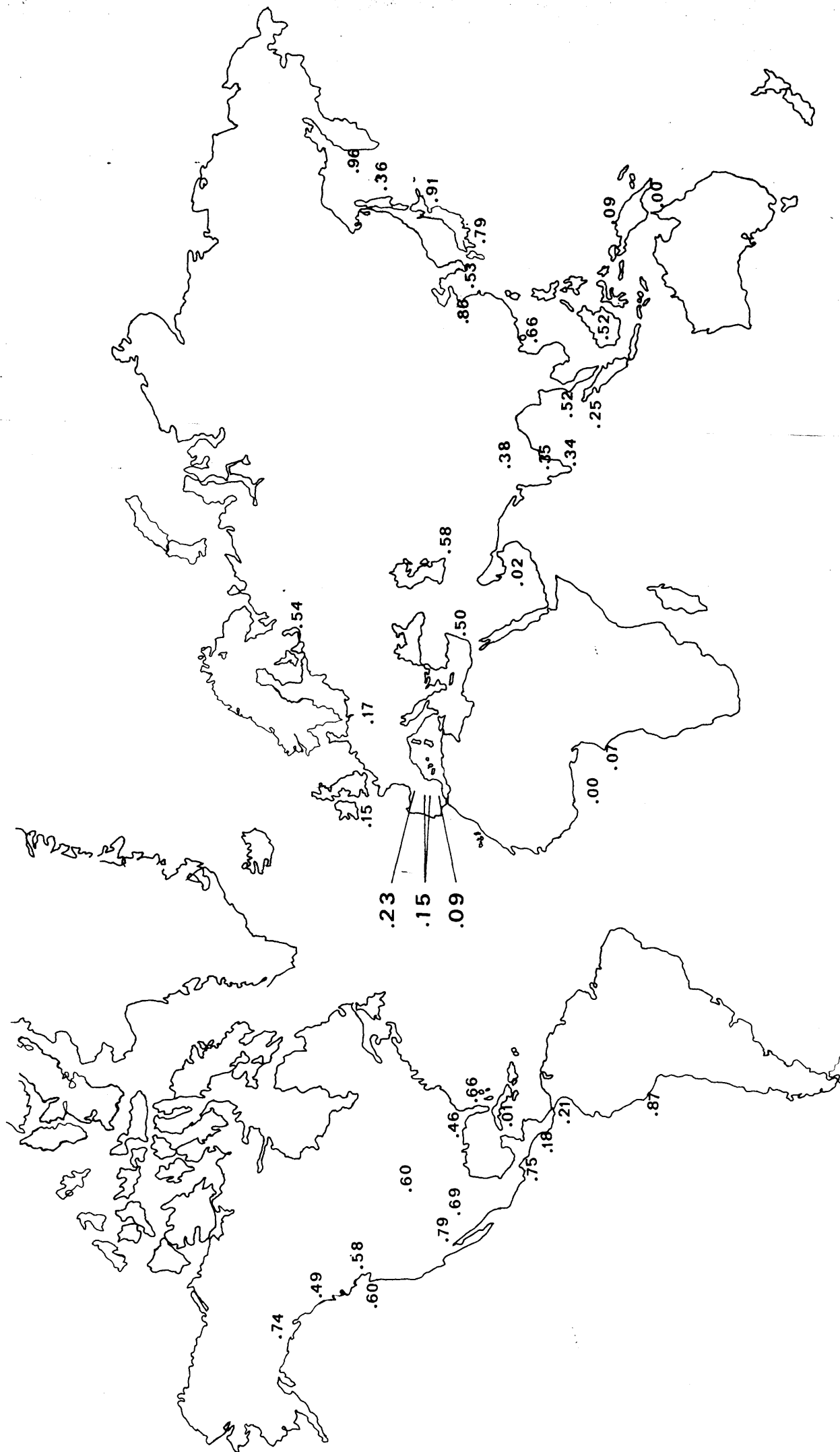


FIGURA N^o 4 . FRECUENCIA DEL ALELO "S" EN DIFERENTES GRUPOS ETNICOS

como resultado la aparición del alelo "S" responsable de la forma seca de cerumen en las poblaciones Mongobídes del Noroeste al Sureste de Asia, como resultado de adaptación al frío, por mecanismos desconocidos, durante el último período glacial (Figura nº 4).

4. 2. ANALISIS ESTADISTICO DEL CONTENIDO EN LIPIDOS
Y PREOTEINAS TOTALES DE LAS DOS FORMAS DE CE-
RUMEN

4. 2.1. Población española en general

Como ya se apuntó en el primer capítulo, la bioquímica del cerumen guarda una gran complejidad, y dado que la valoración de cada sustancia por separado no parece presentar un gran interés antropológico, se ha procedido a valorar globalmente la fracción lipídica y proteíca, con el consiguiente tratamiento estadístico de los resultados a fin de observar los siguientes puntos:

- 1º.- Distribución de ambas fracciones en el cerumen húmedo y seco.
- 2º.- Estimación de las posibles diferencias cuantitativas

- a). Entre los sexos.
- b). Entre poblaciones.
- c). Entre grupos de edad.

Los resultados obtenidos para la fracción lipídica y proteíca total, considerando cada fenotipo por separado, aparecen en el Cuadro nº 8 donde se observan grandes diferencias entre los promedios de lípidos y proteínas en ambos fenotipos.

CUADRO N° 8

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTES A VALORES DE LIPIDOS Y PROTEINAS TOTALES
SEGUN LOS DIFERENTES TIPOS DE CERUMEN.

	LIPIDOS		TOTALES (g. de lip./g. de cerumen)					
	CERUMEN HUMEDO		CERUMEN SECO					
N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$	
783	$0,4817 \pm 0,0047$	$0,1337 \pm 0,0033$	$27,7555 \pm 0,7013$	24	$0,2896 \pm 0,03$	$0,1608 \pm 0,02$	$55,5248 \pm 1,4031$	
PROTEINAS		TOTALES (g. de prot./g. de cerumen)						
783	$0,2219 \pm 0,0038$	$0,1091 \pm 0,0027$	$49,1629 \pm 1,2423$	24	$0,4337 \pm 0,03$	$0,1435 \pm 0,02$	$33,0873 \pm 0,8220$	

Las representaciones gráficas de las distribuciones de frecuencias, se observan en las Figuras n° 5 y n° 6. En lo referente a lípidos totales (Fig. n° 5) y en fenotipos húmedos se ve una clara distribución continua de sus valores, siguiendo el curso de una distribución aproximadamente normal. En lo referente a fenotipos secos, se observa que la máxima frecuencia de nuestros valores está situado en las primeras clases, disminuyendo progresivamente hasta la clase 0,52. Dada la presencia en la clase 0,68 de un valor excesivamente alto, cabría esperar que esto sea debido probablemente a un error de muestreo. Como quiera que la frecuencia de fenotipos secos es bastante baja ($N = 24$), el poder deducir la forma de su distribución es bastante difícil.

Los histogramas de frecuencias referentes al contenido proteico (Fig. n° 6), de dos formas de cerumen, presentan una clara discontinuidad, situándose en las clases más elevadas los valores referentes a cerumen seco, mientras que los concernientes al fenotipo húmedo se localizan en las clases más bajas y con una asimetría en sentido positivo.

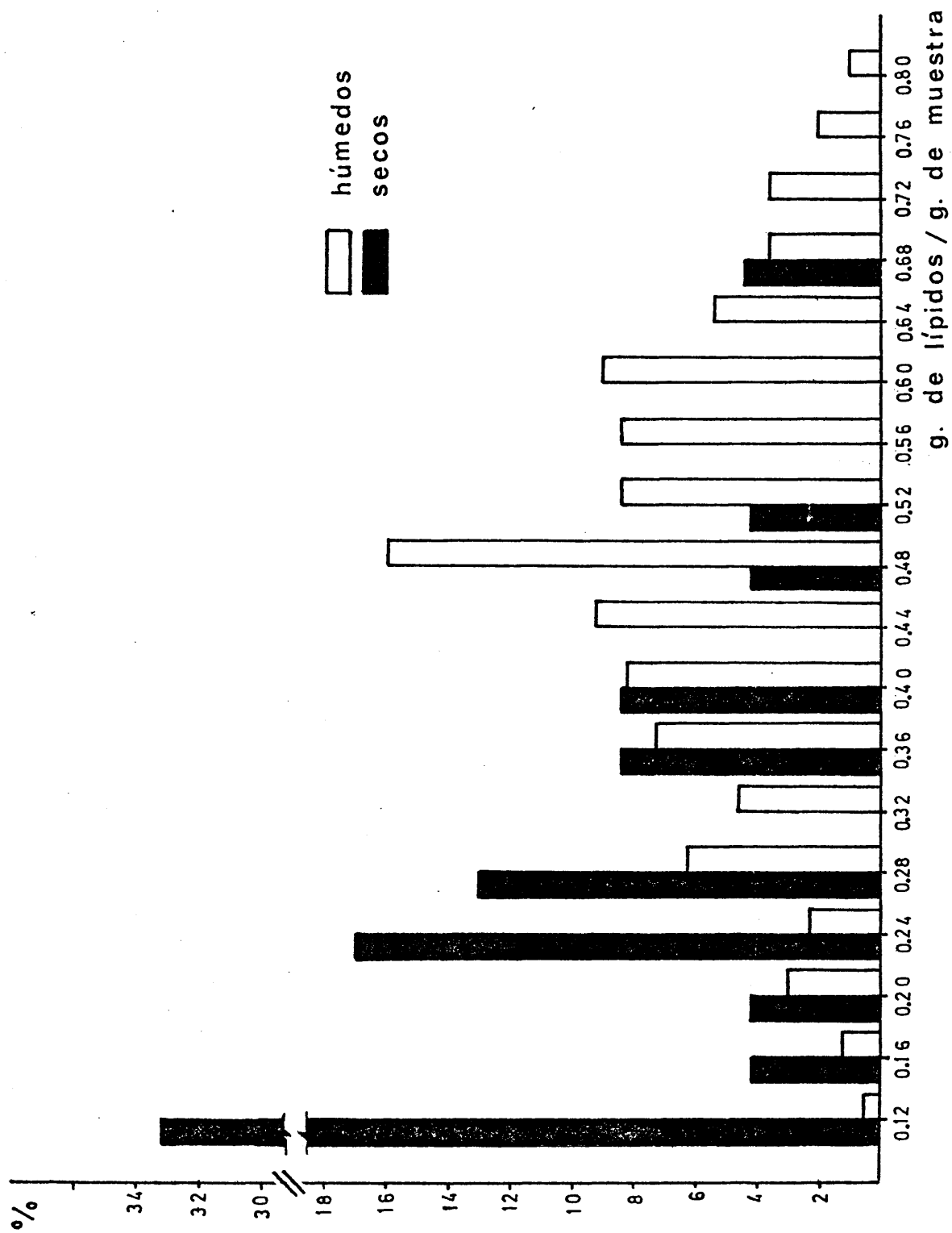


Figura n° 5.- Distribución de valores de lípidos totales para terumen húmedo y seco.

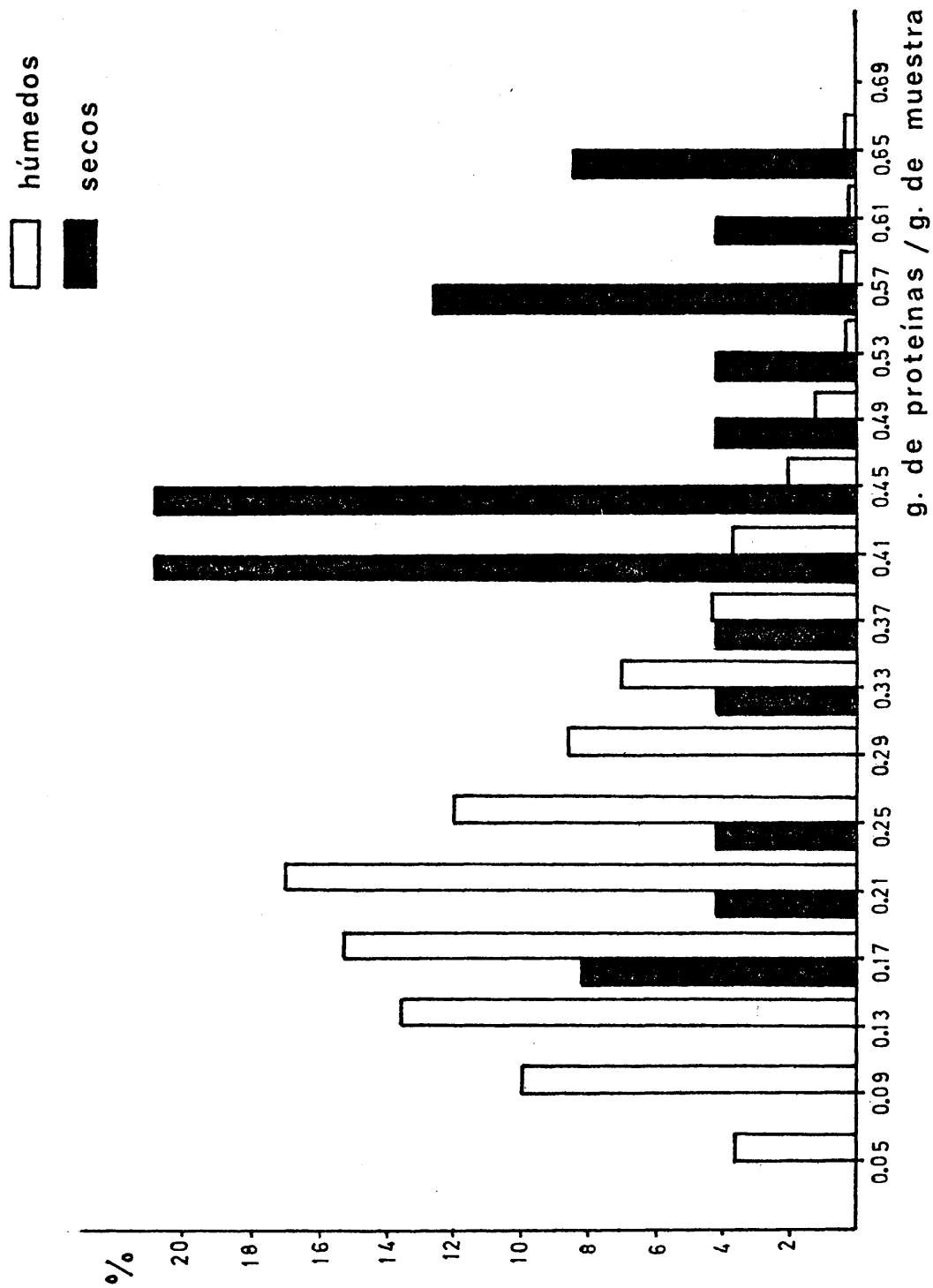


Figura n° 6.- Distribución de valores de proteínas totales en cerumen húmedo y seco.

Es importante señalar que dada la baja frecuencia de fenotipos secos en la población española, las distribuciones que se han elaborado en nuestro trabajo vienen limitadas al fenómeno húmedo. Sólo en la muestra vasca destacamos los valores correspondientes a los secos, dado que es donde se ha encontrado mayor frecuencia. Se desglosaron por sexos tanto la distribución obtenida para los valores lipídicos totales como para los proteícos (Figuras nºs 7 y 8), estimando mediante una "t" de Student, la significación de estas diferencias. Los resultados obtenidos, vienen descritos en el Cuadro nº 9.

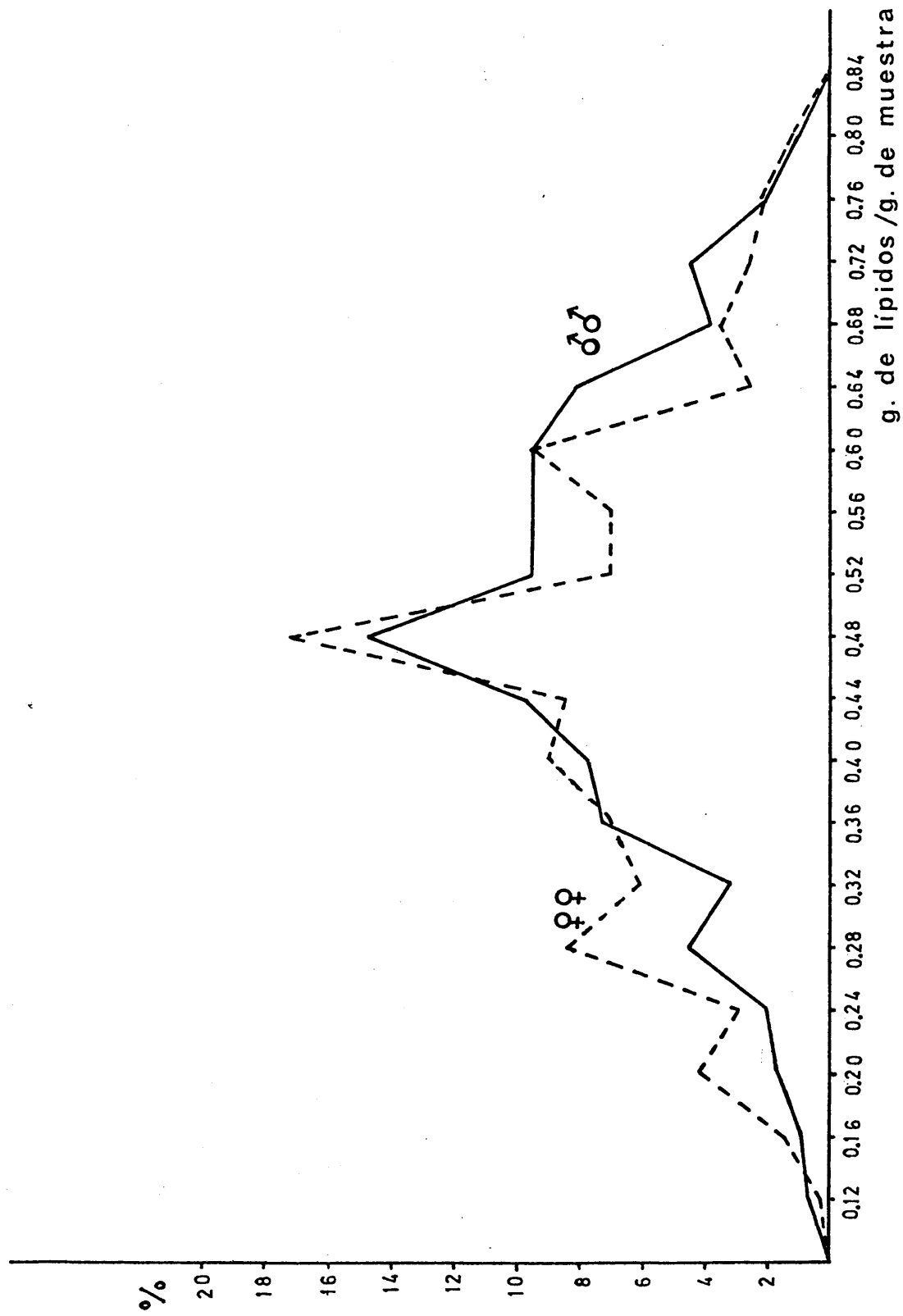


Figura n° 7.- Distribución de los valores de lípidos totales según el sexo en cerumen húmedo.

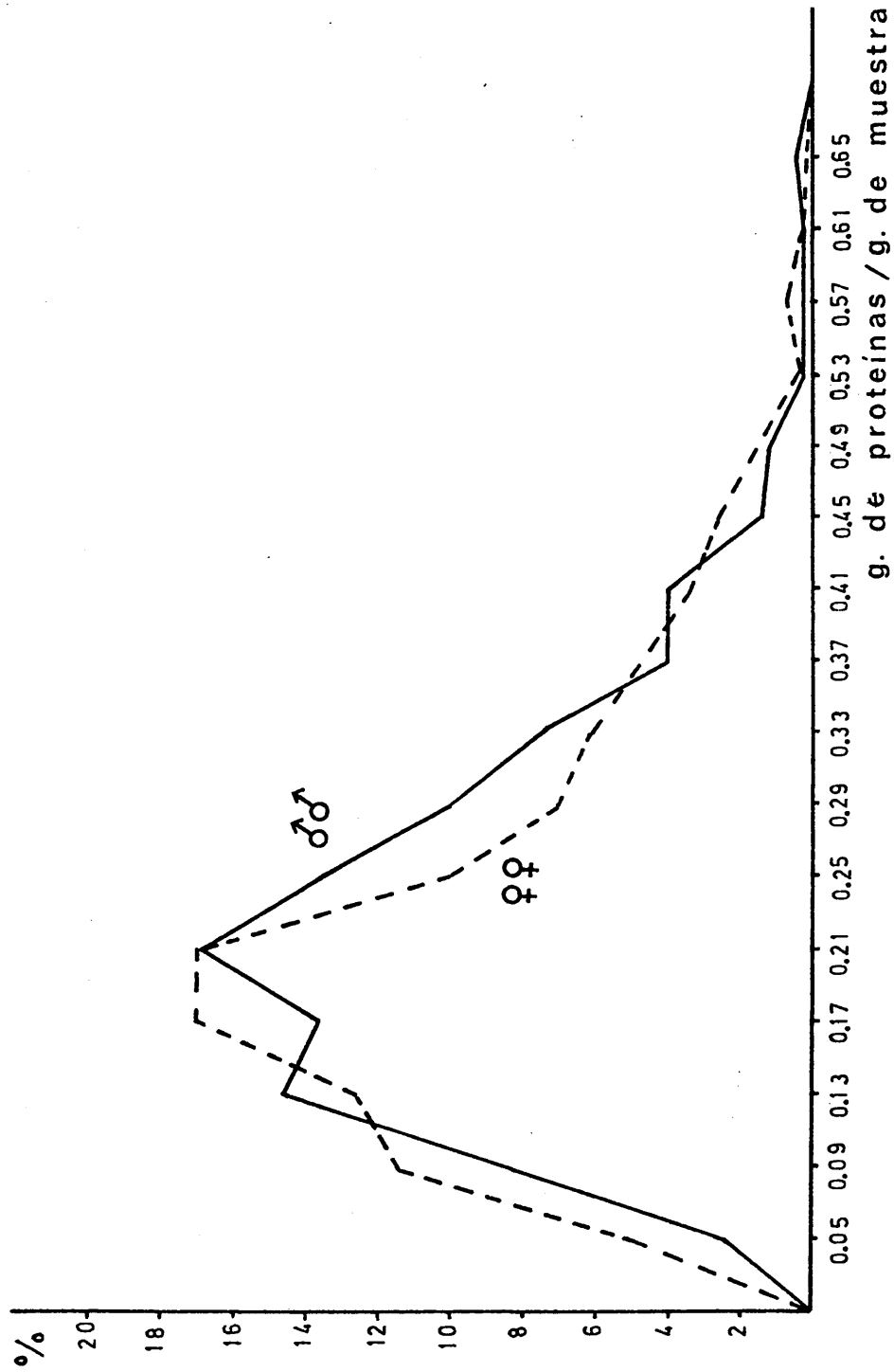


Figura n° 8.- Distribución de los valores de proteínas totales según el sexo en corumen húmedo.

CUADRO N° 9

PARAMETROS CORRESPONDIENTES A VALORES DE LIPIDOS Y PROTEINAS TOTALES SEGUN EL SEXO

a) LIPIDOS TOTALES

	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	V + e _v
Varones	406	0,4938 \pm 0,0069	0,1392 \pm 0,0048	28,1895 \pm 0,8892
Mujeres	377	0,4543 \pm 0,0074	0,1452 \pm 0,0052	31,9612 \pm 1,1639

b) PROTEINAS TOTALES

Varones	406	0,2101 \pm 0,0051	0,1061 \pm 0,0036	50,4997 \pm 0,5759
Mujeres	377	0,2190 \pm 0,0057	0,1131 \pm 0,0040	51,6438 \pm 1,8562

a) $X_D = 0,0395$	t = 3,95 \pm 0,0101	G.L. = 781	P > 0,001
b) $X_D = 0,0089$	t = 1,16 \pm 0,0077	G.L. = 781	0,30 > P > 0,20

4. 2.2. Población vasca

De los 24 casos de cerumen seco registrados, 20 pertenecían a personas vascas, por esta razón, se elaboraron las distribuciones para ambos fenotipos (Figura nº 9).

Como podemos observar los valores correspondientes al fenotipo húmedo se distribuyen normalmente. Los resultados obtenidos para varones y mujeres, expresan unos valores medios propios a los que cabría esperar para este fenotipo (Cuadro nº 10), si bien cabe destacar la elevada diferencia entre dichos promedios, cuyo valor absoluto fué de $\bar{X}_{\sigma} - \bar{X}_{\phi} = 0,0485$ con una "t" de Student de 2,85 que para 368 G.L. resultó ser estadísticamente significativo.

CUADRO Nº 10

SEXO	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$
Varones			
M = 217	$0,4927 \pm 0,00973$	$0,1434 \pm 0,0068$	$29,1549 \pm 1,3970$
Mujeres			
M = 153	$0,4442 \pm 0,01200$	$0,1488 \pm 0,0085$	$33,4984 \pm 1,9149$

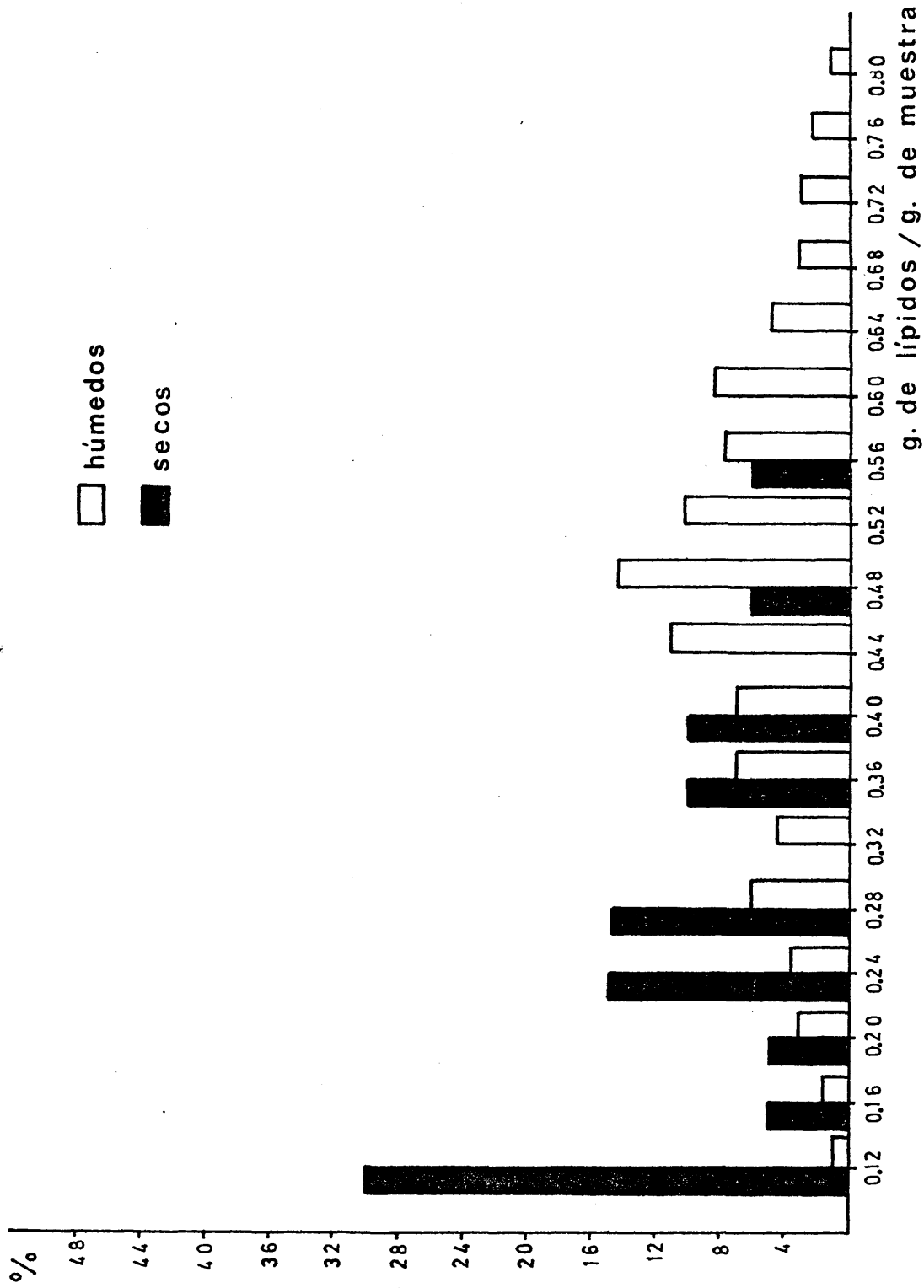


Figura n° 9.- Distribución de los valores de lípidos totales en cerumen húmedo y seco en la población vasca.

Las distribuciones de frecuencias, referentes a los dos sexos, presentan su valor modal coincidente (Figura n°10), aunque hay que destacar las diferencias entre sus valores relativos, propio de este dimorfismo.

Respecto a los valores proteícos totales obtenidos en la muestra vasca, las distribuciones de frecuencias obtenidas para ambos fenotipos, presentan esa discontinuidad ya apuntada (Figura n° 11).

Los valores promedios obtenidos en varones y mujeres vascos son bastante semejantes, y sus diferencias no llegaron a ser estadísticamente significativas ($t = 0,00266$).

CUADRO N° 11

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTES A LA FRACCION PROTEICA TOTAL PARA CERUMEN HUMEDO.

SEXO	$\bar{X} + e_{\bar{X}}$	$\sigma + e_{\sigma}$	$V + e_V$
Varones			
M = 217	0,2133 + 0,00614	0,0949 ± 0,00455	44,4913 ± 2,1356
Mujeres			
M = 143	0,2115 ± 0,00556	0,1096 ± 0,00625	51,8203 ± 2,9623

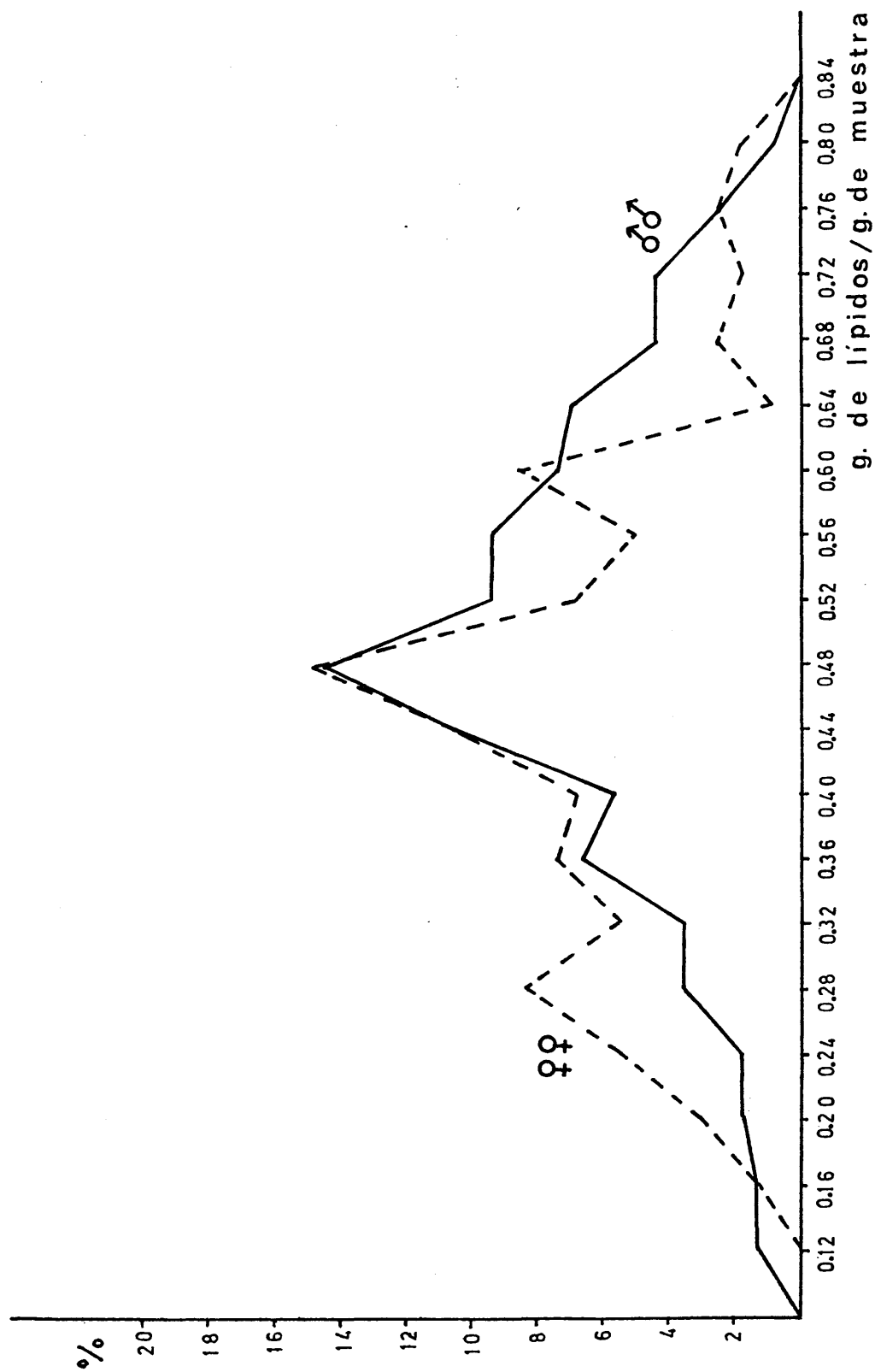


Figura 10.- Distribución de lípidos totales según el sexo en vascos.

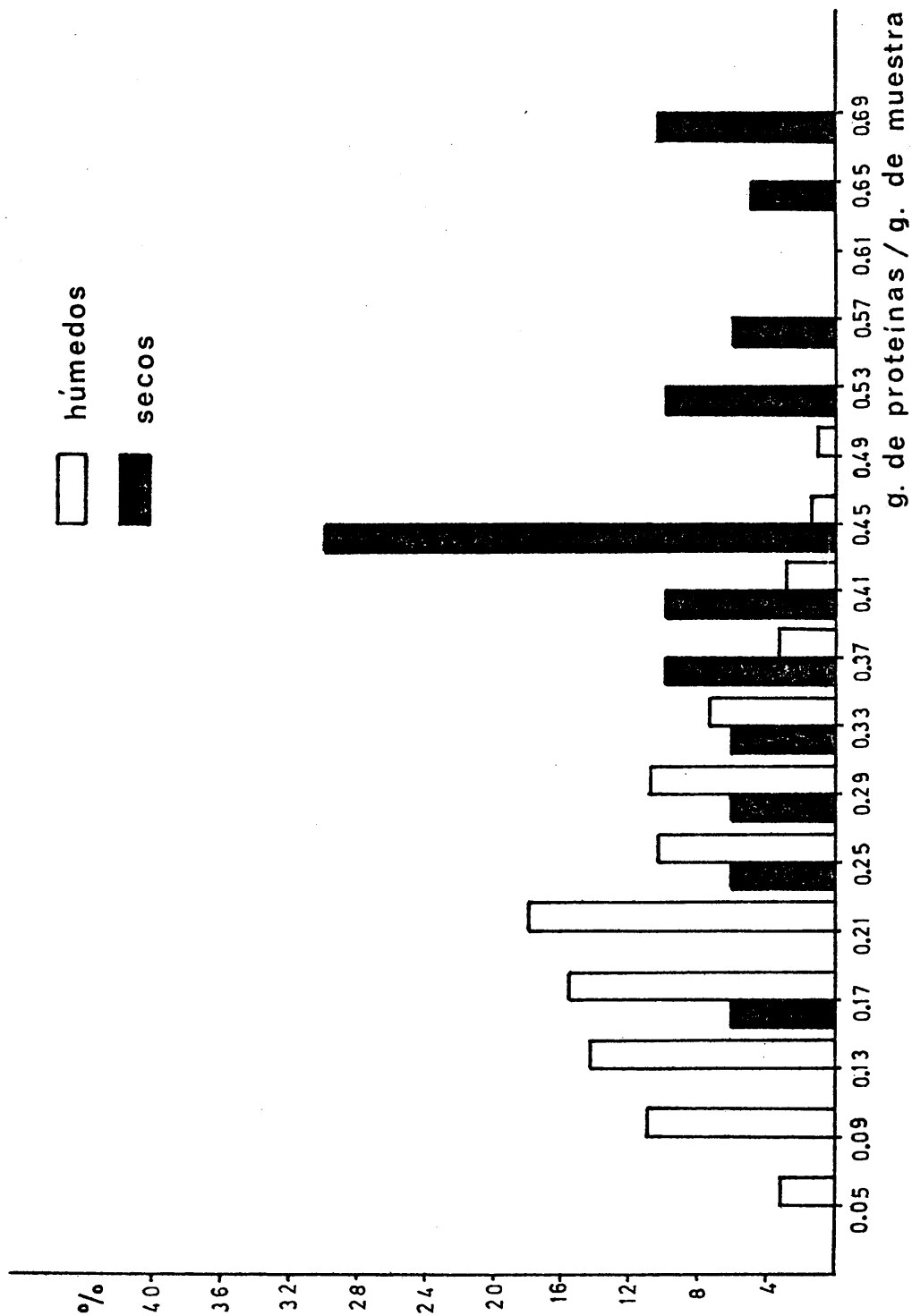


Figura n° 11.- Distribución de proteínas totales para fenotipos húmedo y seco en vasos.

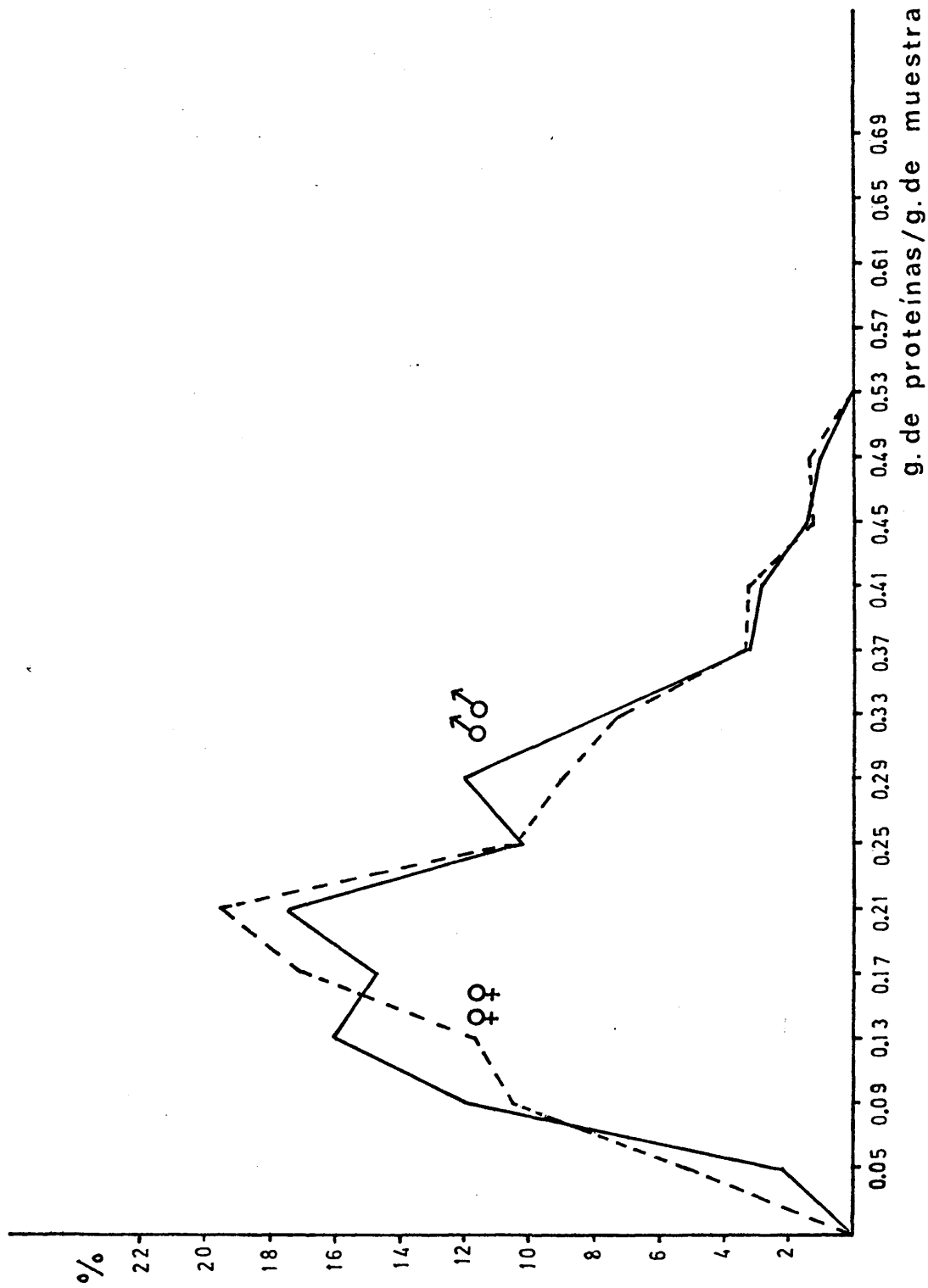


Figura n° 12.- Distribución de los valores de proteínas totales para cerumen húmedo según el sexo (vascos).

Los coeficientes de variación fueron notablemente elevados si los comparamos con los obtenidos para los valores lipídicos.

Los polígonos de variación son bastante parecidos, coincidiendo en ambos el valor modal con los valores medios (Figura nº 12). Dado la ausencia de dimorfismo sexual, se englobaron ambos polígonos ajustando dicha distribución a una curva normal. Las diferencias entre la distribución observada frente a la teórica fué de $\chi^2 = 11,8599$ valor estadísticamente no significativo. El grado de asimetría obtenido fué de 1,0101.

4. 2.3. Población castellana

Coincidiendo con la muestra vasca, la variabilidad de los valores lipídicos totales se distribuyeron normalmente. Su media $\bar{X} = 0,4736$, coincidió con el valor modal (Figura nº 13).

Dicho polígono de variación se ajustó a una curva normal, cuyo χ^2 fué de 22,578 que para 16 grados de libertad la probabilidad resultó estar entre el 10 y 20%.

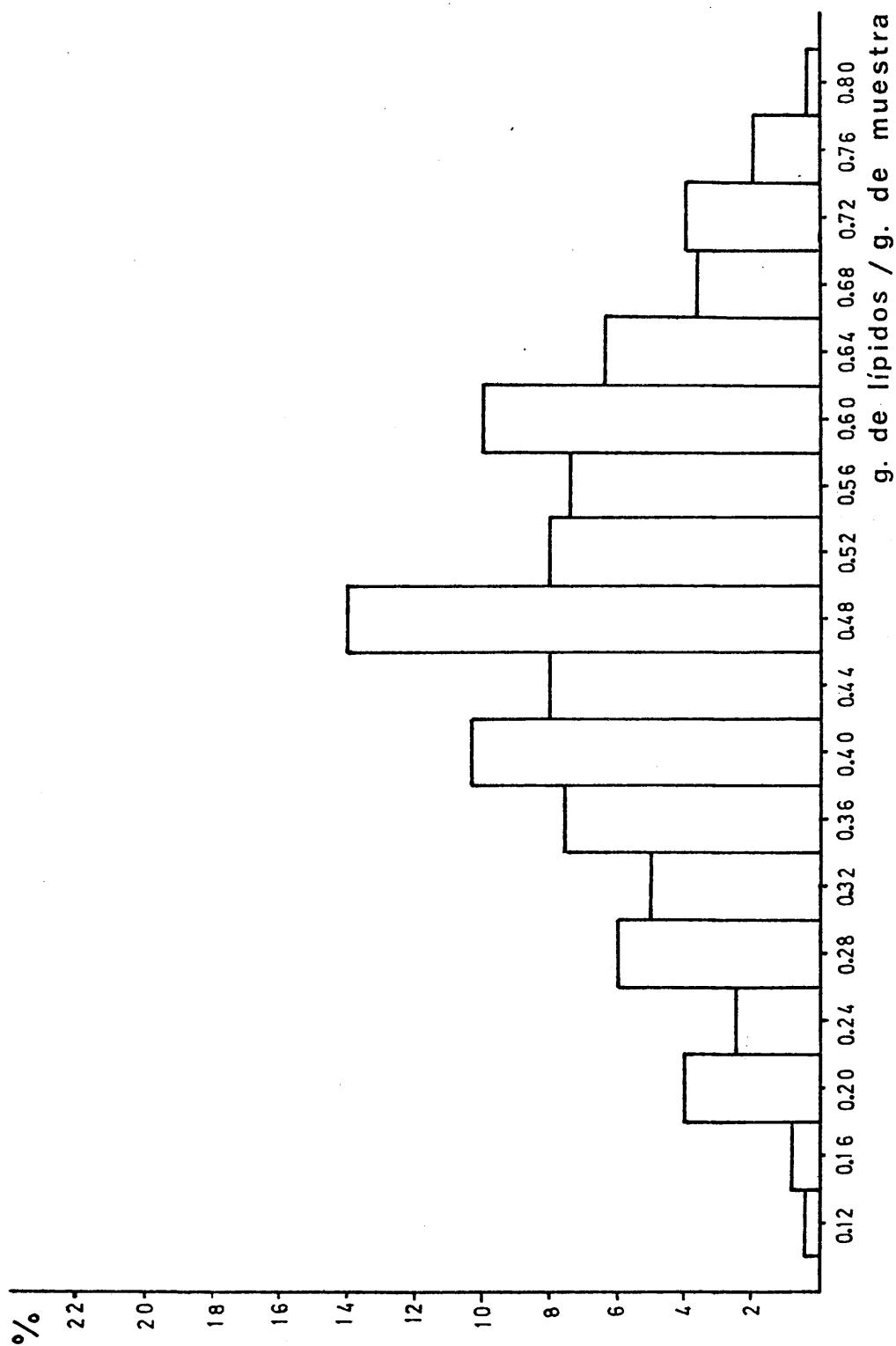


Figura nº 13.- Histograma de frecuencias para valores de lípidos totales en cerumen humedo (castellanos).

Los resultados obtenidos para cada sexo pueden considerarse muy semejantes a los obtenidos para la muestra vasca, si bien señalaremos que los valores medios de lípidos totales presentes en el cerumen es superior siempre en varones que en mujeres. El coeficiente de variación y desviación típica fueron superiores en la serie femenina, con respecto a la masculina (Cuadro n° 12).

CUADRO N° 12

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTE A LA FRAC-
CION LIPIDICA TOTAL PARA CERUMEN HUMEDO.

SEXO	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_v$
<hr/>			
Varones			
M = 107	0,4935 \pm 0,0132	0,1369 \pm 0,0093	27,7462 \pm 1,1866
<hr/>			
Mújeres			
M = 142	0,4592 \pm 0,0123	0,1476 \pm 0,0088	32,1280 \pm 1,9064
<hr/>			

La diferencia entre los promedios no llegó a ser estadísticamente significativa, $t = 1,8749$.

Los polígonos de frecuencia para varones y mujeres (Figura n° 14) expresan gran número de cúspides, si bien en general expresan una gran semejanza, en cuanto a su distribución se refiere.

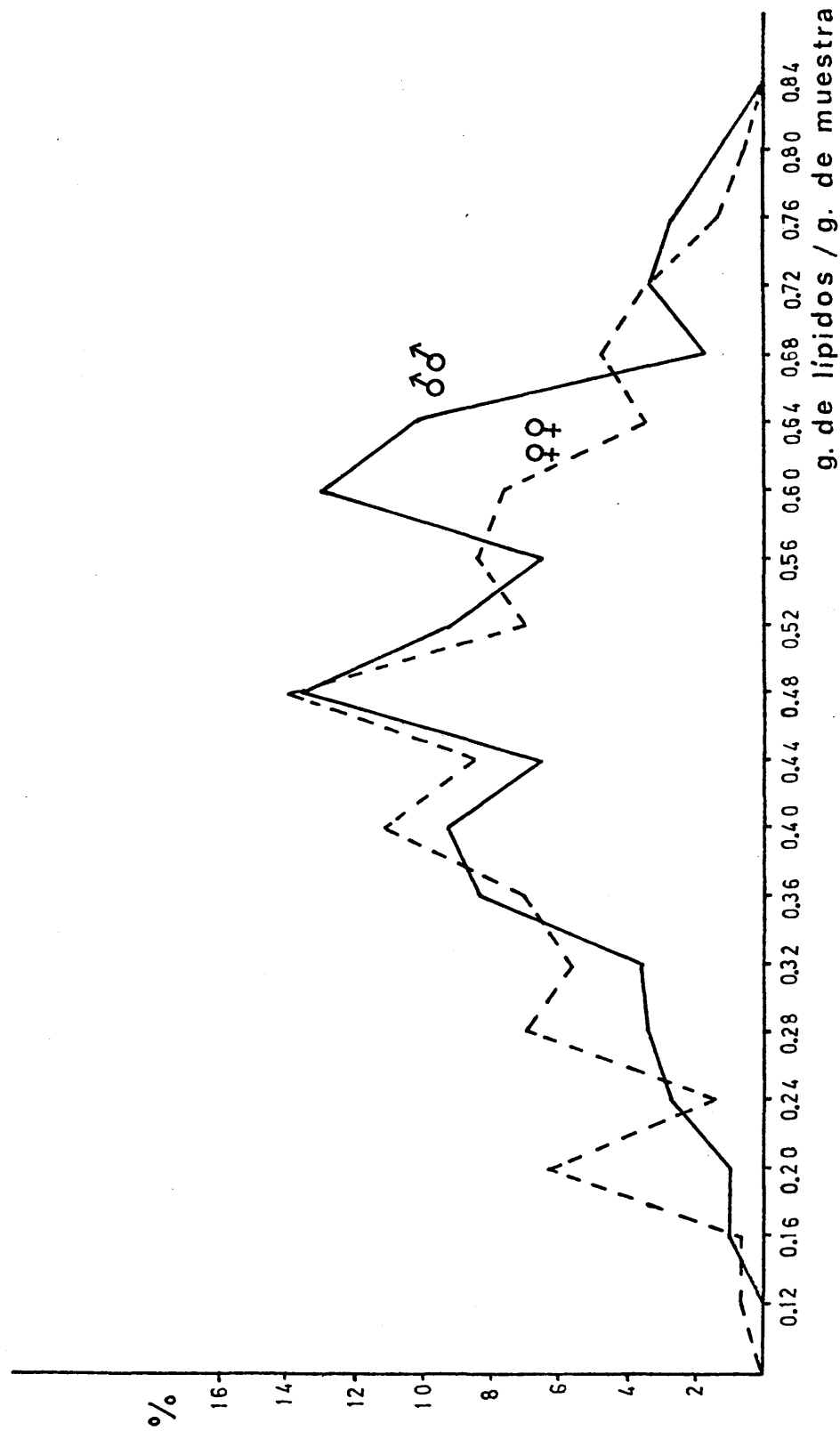


Figura n° 14.- Distribución de valores de lípidos totales para cerumen húmedo, según el sexo (castellanos). C

Los valores correspondientes al componente proteico se distribuyeron normalmente, si bien cabe destacar una asimetría en sentido (+) (Figura n° 15). Los promedios para varones y mujeres, reflejan unas diferencias algo mayores que para vasos, cuyo valor absoluto en castellanos para estas diferencias fué de $\bar{X}_\sigma - \bar{X}_\varphi = 0,0351$. El coeficiente de variación es algo mayor en mujeres que en varones (Cuadro n° 13).

CUADRO N° 13

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTE A LA FRAC-
CION PROTEICA TOTAL PARA CERUMEN HUMEDO.

SEXO	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$
<hr/>			
Varones			
M = 107	$0,2089 \pm 0,00926$	$0,0958 \pm 0,00654$	$45,8592 \pm 2,1348$
<hr/>			
Mujeres			
M = 142	$0,1738 \pm 0,00713$	$0,0856 \pm 0,00504$	$49,2520 \pm 2,9225$
<hr/>			

La estimación de las diferencias entre los sexos, fué estadísticamente significativa, $t = 3,0469$, $0,01 < P < 0,001$, valor importante a destacar a la hora de establecer comparaciones entre estas poblaciones.

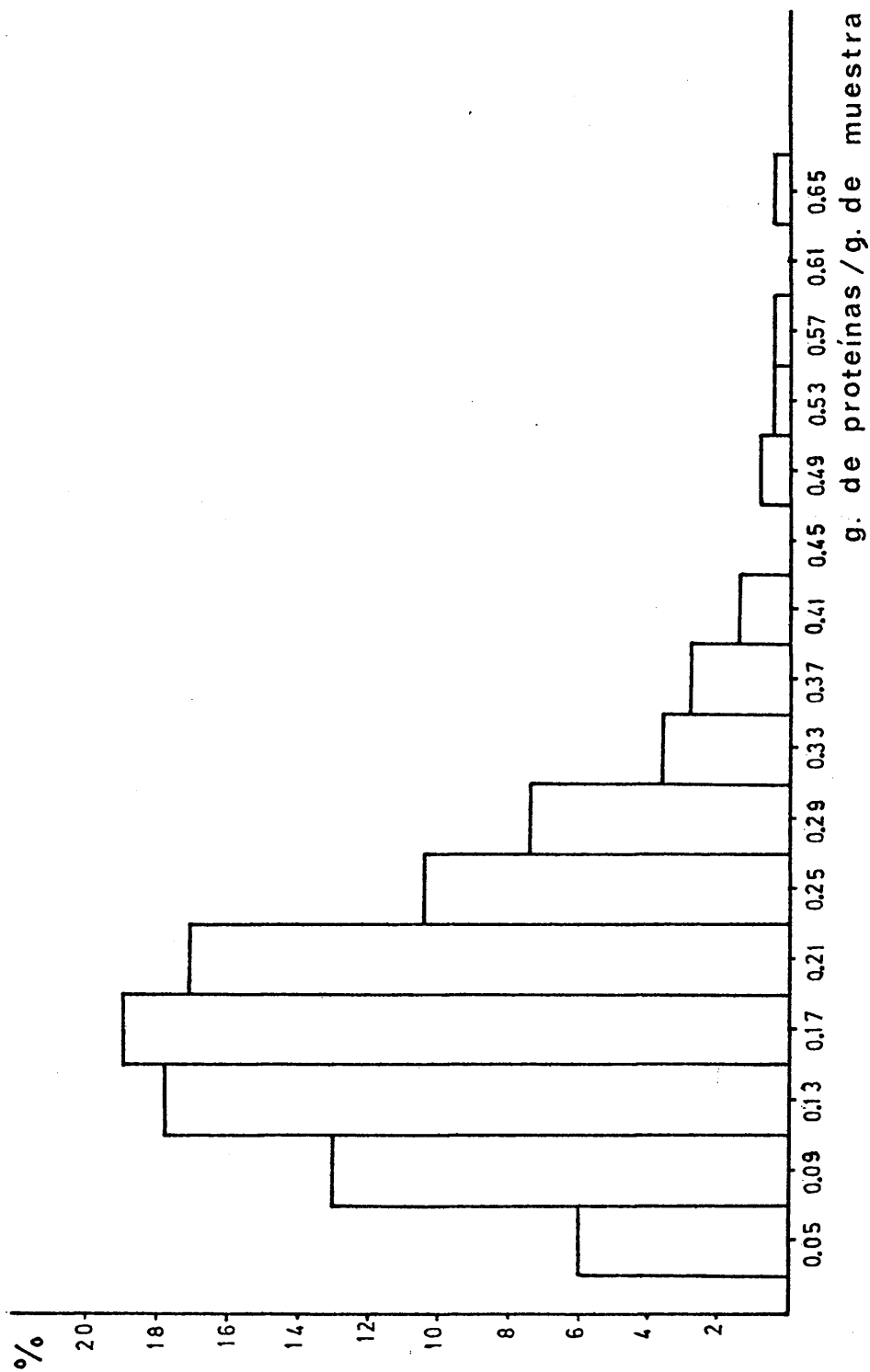


Figura n° 15.- Distribución de valores de proteínas totales, en cerumen húmedo (castellanos).

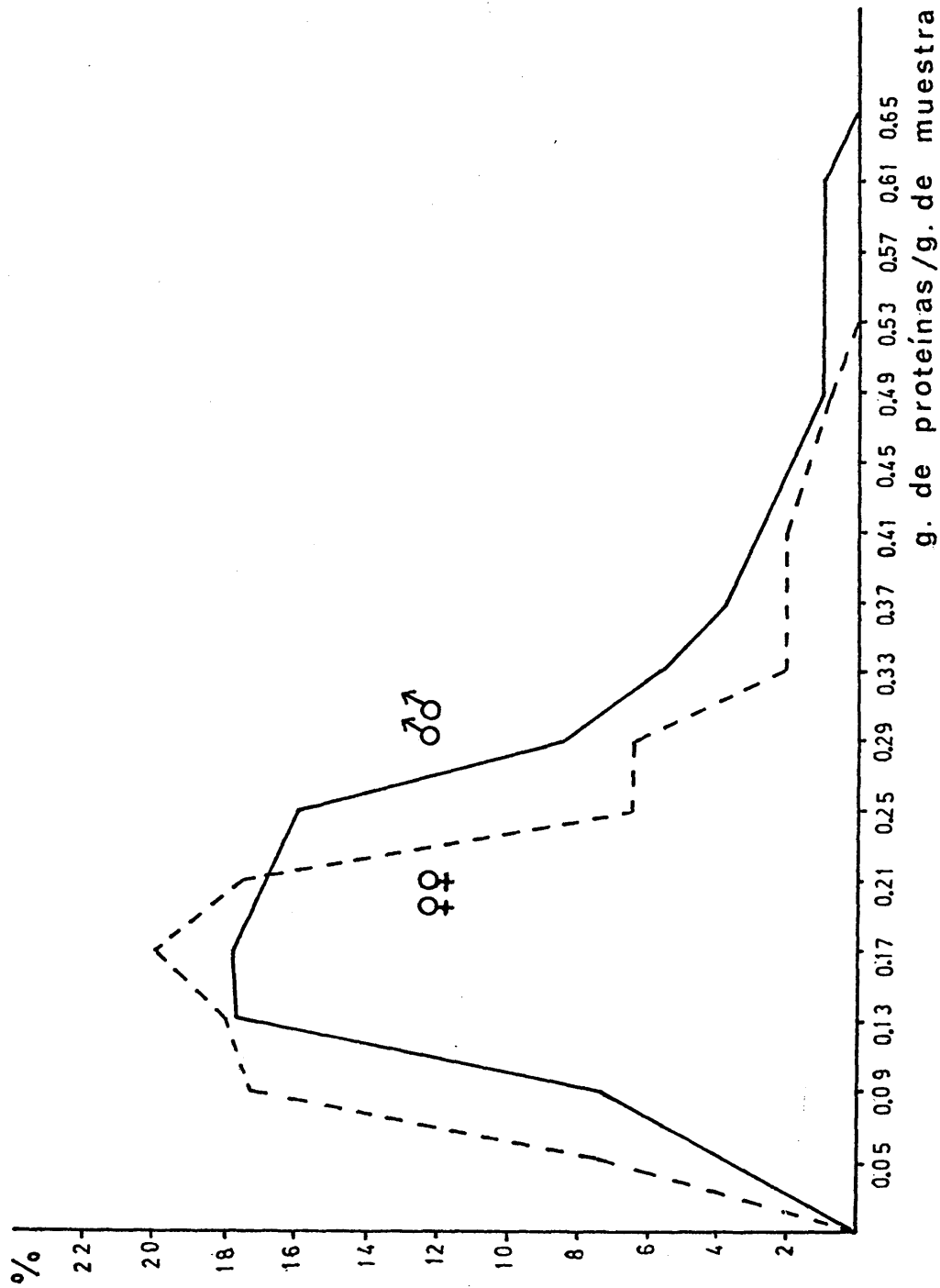


Figura n° 16.- Polígonos de frecuencias correspondientes a los valores de proteínas totales en cerumen húmedo, según el sexo (castellanos).

Las distribuciones de frecuencias para cada sexo, vienen expresadas en la Figura n° 16, cuyos polígonos presentan una gran semejanza, si bien destacaremos la mayor amplitud de variación para la serie de varones (Figura n° 16). Cada una de estas distribuciones se ajustó a una curva normal, $\chi^2 = 4,9674$ y $\chi^2 = 7,8635$ para varones y mujeres respectivamente, cuyas cifras no fueron estadísticamente significativas. Los grados de asimetrías estimados fueron de 0,4598 y 1,4195.

4. 2.4. Población andaluza

De la misma forma que en las poblaciones anteriores, los valores lipídicos del cerumen húmedo correspondiente a la muestra andaluza se distribuyeron normalmente (Figura n° 17) cuya media de $\bar{X} = 0,4821$, coincidía con la clase de contenía el valor de máxima frecuencia (Figura n° 17).

Los valores obtenidos para varones y mujeres vienen consignados en el Cuadro n° 14 en el que podemos destacar que tanto los valores hallados para la serie masculina como para la femenina se a-

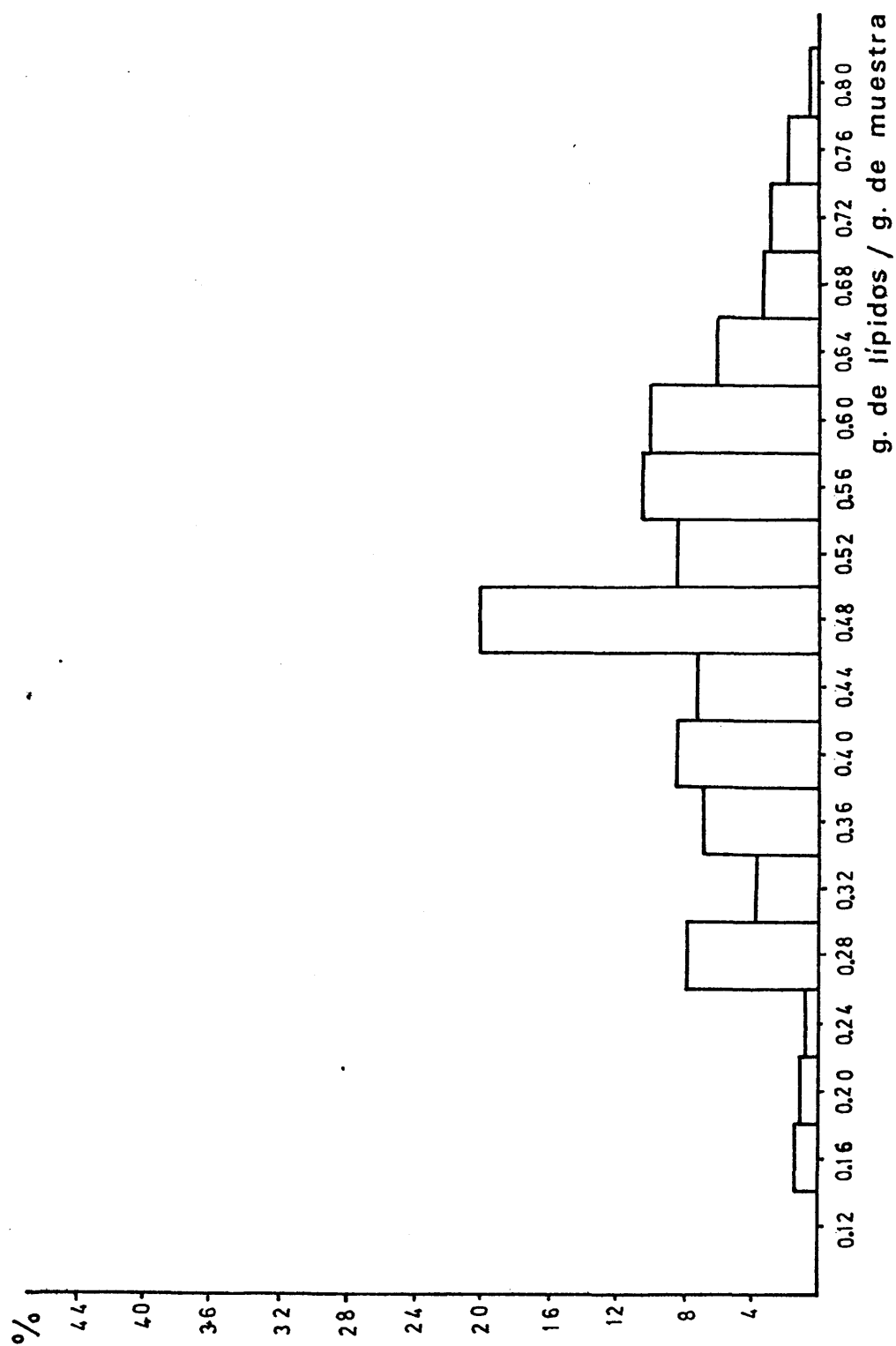


Figura nº 17.- Distribución de valores de lípidos totales en cerumen húmedo (andaluces).

semejant a los correspondientes de las series anteriores. Cabe destacar que el promedio de lípidos totales para mujeres andaluzas es superior al obtenido en las otras poblaciones.

CUADRO N° 14

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTES A LA FRAC-
CION LIPIDICA TOTAL EN CERUMEN HUMEDO.

SEXO	$\bar{X} + e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$
<hr/>			
Varones			
M = 82	$0,4976 \pm 0,0144$	$0,1304 \pm 0,0102$	$26,2557 \pm 2,0463$
<hr/>			
Mujeres			
M = 82	$0,4649 \pm 0,0148$	$0,1341 \pm 0,0105$	$28,8449 \pm 2,2524$
<hr/>			

Las diferencias entre los promedios no fué estadísticamente significativo ($t = 1,5873$). La distribución de frecuencias (Figura n° 13), se comparó con la teórica, por medio de una χ^2 , cuya bondad de ajuste fué 12,4439, que para 16 G.L. la probabilidad de azar fué de $0,70 > P > 0,50$.

Los valores obtenidos para el componente proteico total comprendiendo ambos sexos, se distribuyeron normalmente, con un grado de asimetría

en sentido (+) al igual que las demás poblaciones considerando la misma variable (Figura n° 18).

En el Cuadro n° 15 figuran los parámetros de variación obtenidos para este carácter, observándose que los valores promedios tanto para la serie masculina como para la femenina son más elevados que para el resto de las poblaciones ya estudiadas.

CUADRO N° 15

PARAMETROS DE VARIACION PARA EL CONTENIDO DE PROTEINAS TOTALES EN CERUMEN HUMEDO.

SEXO	$\bar{X} + e_{\bar{X}}$	$\sigma + e_{\sigma}$	$V + e_V$
<hr/>			
Varones			
M = 82	0,2666 \pm 0,0111	0,1217 \pm 0,0095	45,6489 \pm 3,5645
<hr/>			
Mujeres			
M = 82	0,2983 \pm 0,0134	0,1008 \pm 0,0078	33,7914 \pm 2,6386
<hr/>			

El polígono de frecuencias global se desglosó por sexos con el fin de ver el curso de ambas distribuciones (Figura n° 19). Si bien las dos presentan una asimetría en sentido positivo, los valores promedios para cada uno de los sexos, no coin-

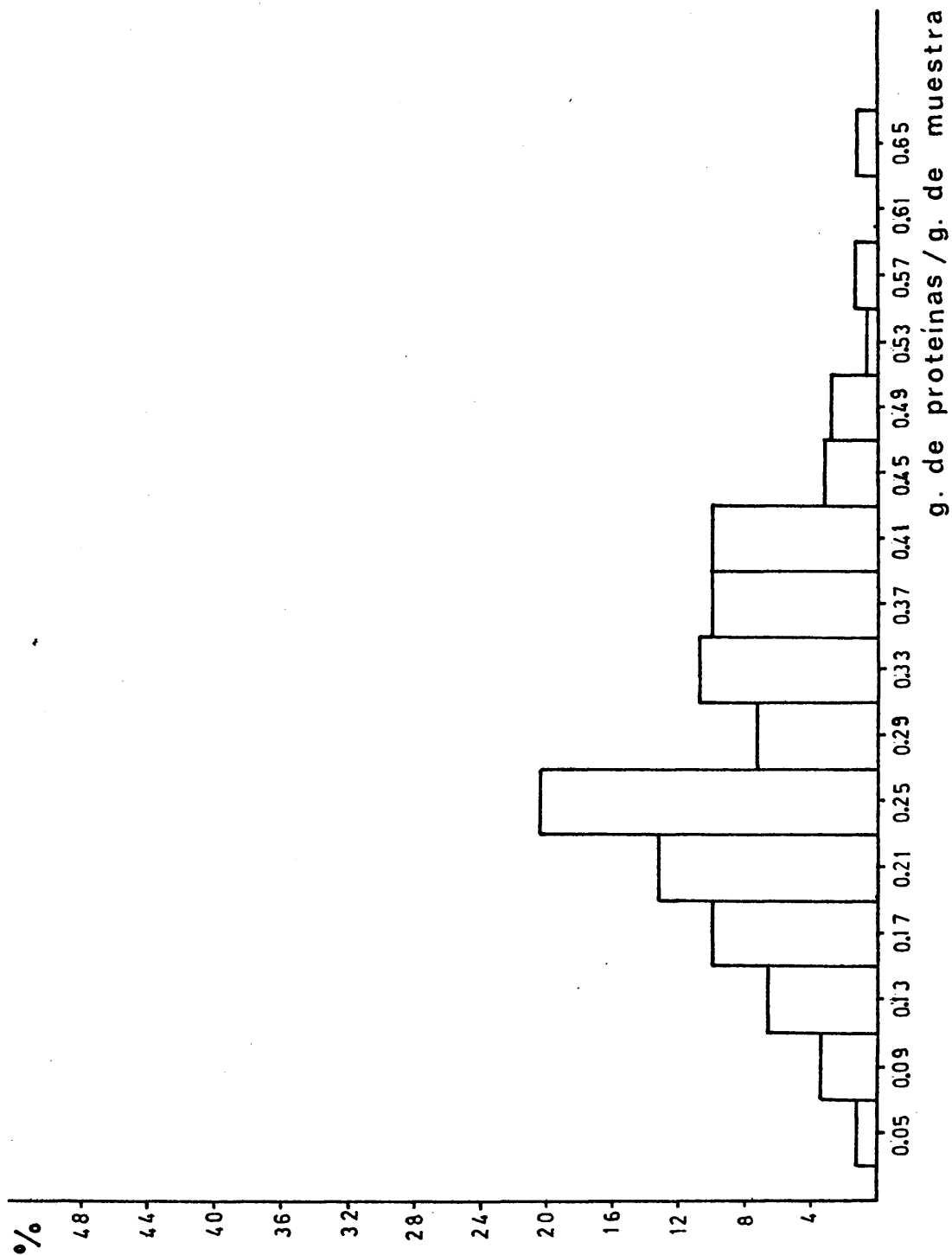


Figura nº 18.- Distribución de los valores de proteínas totales para cerumen húmedo en andaluces.

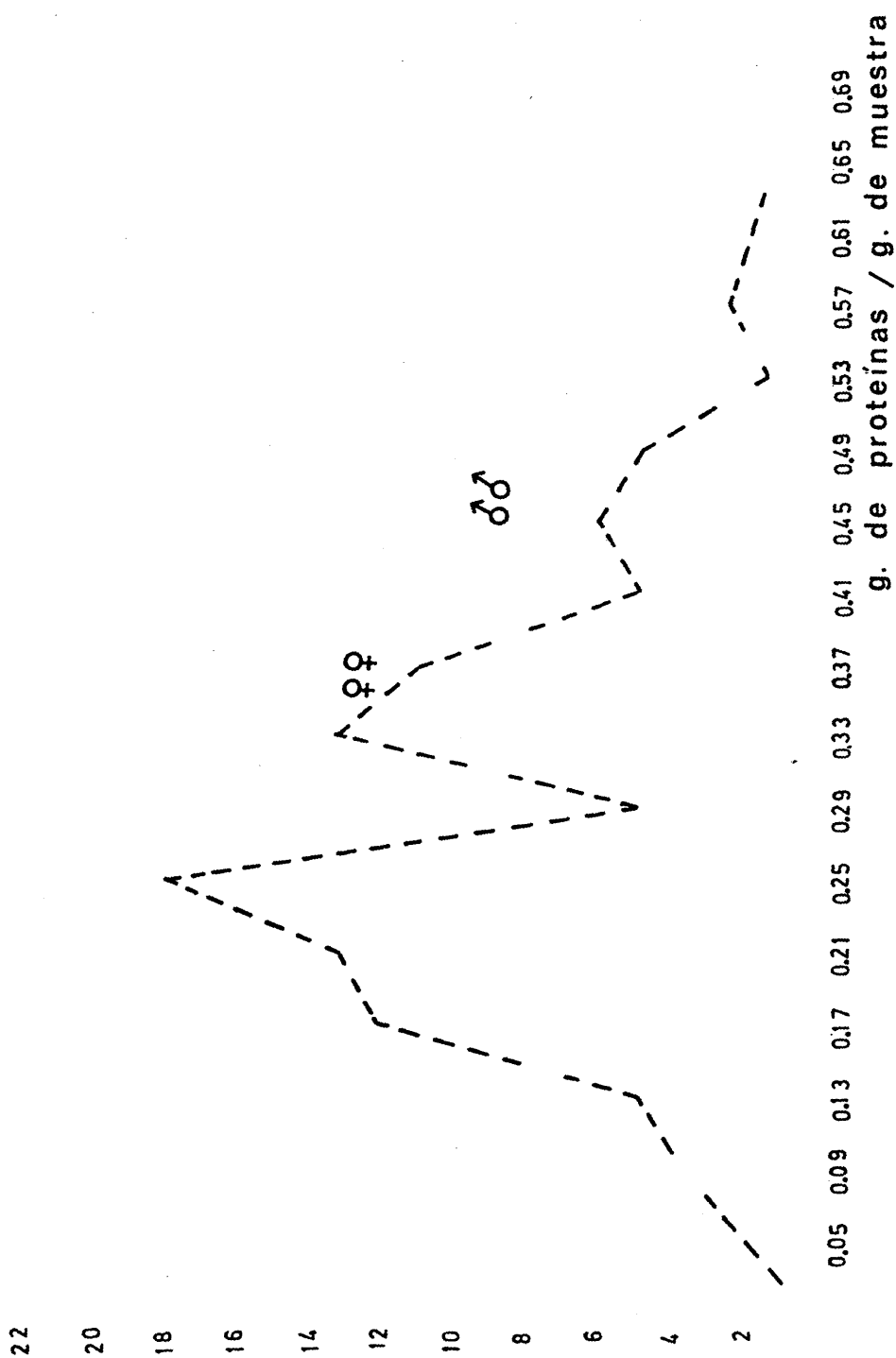


Figura n° 19.- Polígonos de frecuencia correspondiente a valores de proteínas totales en cerumen húmedo según el sexo en andalucés.

cidieron con su valor modal. Las diferencias sexuales, se estimaron mediante la "t" de Student cuyo valor fué de 1,9080, cifra muy próxima al límite de significación 5%.

El ajuste de la curva normal para ambas distribuciones resultó tener un valor de $\chi^2 = 9,8012$ y $\chi^2 = 9,156$ para varones y mujeres, no resultando ser estadísticamente significativos. El grado de asimetría obtenido fué de 0,3356 y 3,8281 respectivamente.

4. 2.5. Comparación entre las tres muestras de población española.

En el Cuadro nº 16 se expresan todos los resultados obtenidos para las muestras de población españolas, respecto al contenido lipídico según los sexos. Cabe señalar que para cualquier muestra, el valor promedio de lípidos totales es siempre superior en el sexo masculino que en el femenino, con coeficientes de variación muy semejantes en las tres poblaciones.

En el Cuadro nº 17, se observa quizás más semejanza entre los valores promedios obtenidos para cada sexo, si bien el valor máximo en varones y mujeres andaluces es superior con respecto a castellanos y vascos.

La variabilidad existente en las diferencias de promedios de valores lipídicos entre los sexos y cuya significación parece ser patente en la muestra vasca, podría explicarse suponiendo:

- 1º.- Que la variabilidad de estas sustancias, esté controlada por el sexo, en determinados tipos raciales.
- 2º.- Que en castellanos y andaluces, la diferencia está muy próxima del límite de significación

del 5% y cabría suponer que dado el escaso número de individuos analizados, si se aumentara la muestra, las diferencias entre los sexos podrían ser más elevadas. Así se obtendría para el conjunto de la población española un diformismo sexual en la fracción lipídica total.

Los mismos argumentos, serían válidos para explicar la variabilidad en los niveles de significación obtenidos para el contenido proteico. Dado que en la muestra andaluza, la diferencia entre los promedios ($t = 1,9080$), está muy próxima al nivel de significación del 5% y puesto que la diferencia entre valores proteicos es prácticamente nula ($t = 0,00266$) en la población vasca, el haber obtenido en castellanos unas diferencias más acusadas ($t = 3,0469$), cuya probabilidad fué del 1%, podría significar que aumentandola muestras estas diferencias disminuyeran. En la discusión se analizaran ambas posibles explicaciones.

CUADRO N° 16

PARAMETROS DE VARIACION PARA EL COMPONENTE LIPIDICO TOTAL DE CERUMEN HUMANO EN TRES

MUESTRAS DE POBLACION ESPAÑOLA.

	SEXO	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$
Vascos	Varones M = 217	0,4927 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1434 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	29,1049 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$
	Mujeres M = 153	0,4442 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1488 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	33,4984 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$
Castellanos	Varones M = 107	0,4935 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1369 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	27,7462 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$
	Mujeres M = 142	0,4592 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1476 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	32,1280 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$
Andaluces	Varones M = 82	0,4976 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1304 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	26,2557 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$
	Mujeres M = 82	0,4649 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	0,1341 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$	28,8449 \pm $\underline{\hspace{0.5cm}}$

CUADRO N° 17

PARAMETROS DE VARIACION CORRESPONDIENTES AL CONTENIDO PROTEICO MEDIO, EN CERUMEN HUMANO

SEXO	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	$V \pm e_V$	
Vascos	Varones N = 217	0,2133 + 0,00644	0,0949 + 0,00455	44,4913 + 2,1356
	Mujeres N = 153	0,2115 + 0,00886	0,1096 + 0,00625	51,8203 + 2,0623
Castellanos	Varones N = 107	0,2089 + 0,00926	0,0958 + 0,00654	45,8592 + 2,1348
	Mújeres N = 142	0,1738 + 0,00713	0,0856 + 0,00504	49,2520 + 2,9225
Andaluces	Varones N = 82	0,2666 + 0,0111	0,1217 + 0,0095	45,6489 + 3,5645
	Mujeres N = 82	0,2983 + 0,0134	0,1008 + 0,0078	33,7914 + 2,6386

4. 3. VARIACION DEL CONTENIDO EN LIPIDOS Y PROTEINAS
TOTALES EN CERUMEN HUMANO SEGUN LA EDAD Y EL
SEXO.

La actividad y distribución de las glándulas ceruminosas y sebáceas, pueden ser causa de la variabilidad del contenido en lípidos y proteínas totales del cerumen. Puesto que ambas pueden depender de la raza, edad y sexo del individuo, se ha procedido al estudio de esa variabilidad y buscar sus posibles causas. El problema esencial, radica en que para ciertos grupos de edad disponemos de un número limitado de valores. En consecuencia, ciertos promedios, como son los de los grupos extremos, no pueden tomarse como representativos de la población española, puesto que dichos resultados vendrían muy condicionados por el factor azar. De todas maneras, dichos promedios pueden darnos alguna orientación a la hora de compararlos con los obtenidos por otros autores, en diferentes grupos raciales.

Los resultados pertenecientes a cada grupo de edad vienen consignados en los Cuadros nºs 18 y 19.

CUADRO Nº 18

VARIACION DEL CONTENIDO LIPIDICO EN EL CERUMEN SEGUN LA EDAD Y SEXO

Varones				Mujeres			
Edades	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	
6 - 7 - 8	65	0,5315 \pm 0,0173	0,1401 \pm 0,0122	22	0,5010 \pm 0,0185	0,0868 \pm 0,0130	
9 - 10- 11	96	0,5070 \pm 0,0126	0,1243 \pm 0,0089	57	0,4200 \pm 0,0201	0,1518 \pm 0,0142	
12 - 13- 14	132	0,4862 \pm 0,0135	0,1555 \pm 0,0095	197	0,4498 \pm 0,0097	0,1370 \pm 0,0069	
15 - 16- 17	113	0,44586 \pm 0,0127	0,1355 \pm 0,0090	105	0,4588 \pm 0,0114	0,1654 \pm 0,0114	
18- 19- 20	14	0,5207 \pm 0,0379	0,1419 \pm 0,0268	6	0,4823 \pm 0,0797	0,1954 \pm 0,0564	

CUADRO N° 19

VARIACION DEL CONTENIDO PROTEICO EN EL CERUMEN SEGUN LA EDAD Y SEXO

Edades	Varones			Mujeres		
	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$	N	$\bar{X} \pm e_{\bar{X}}$	$\sigma \pm e_{\sigma}$
6 - 7 - 8	65	0,2307 \pm 0,0126	0,1021 \pm 0,0089	22	0,2275 \pm 0,0237	0,1113 \pm 0,0167
9 - 10- 11	96	0,2036 \pm 0,0084	0,0829 \pm 0,0059	57	0,2524 \pm 0,0172	0,1306 \pm 0,0122
12 - 13- 14	132	0,2253 \pm 0,0087	0,1010 \pm 0,0062	197	0,2161 \pm 0,0085	0,1206 \pm 0,0060
15 - 16- 17	113	0,2354 \pm 0,0098	0,1050 \pm 0,0069	105	0,2168 \pm 0,0114	0,1178 \pm 0,0081
18 - 19- 20	14	0,2271 \pm 0,0287	0,1074 \pm 0,0202	6	0,1890 \pm 0,0407	0,0998 \pm 0,0288
21 - 40	54	0,1845 \pm 0,0186	0,1367 \pm 0,0131	62	0,1776 \pm 0,0135	0,1068 \pm 0,0095
41 - X	41	0,1639 \pm 0,1660	0,1064 \pm 0,0117	33	0,1599 \pm 0,0278	0,1331 \pm 0,0163

Se estimaron las diferencias entre los promedios obtenidos en varones y mujeres, según el grupo de edad, por medio de la "t" de Student (Cuadro N° 20). De igual forma, y para estimar de forma global la diferencia entre los valores medidos y dentro de cada sexo se utilizó el análisis de la varianza.

CUADRO N° 20

CONTENIDO LIPIDICO TOTAL

6- 7- 8 ♂♂ -	6- 7- 8 ♀♀	t=0,9600 para	85 G.L.	0,4 > P > 0,3
9-10-11 ♂♂ -	9-10-11 ♀♀	t=3,8540 "	151 G.L.	P > 0,001
12-13-14 ♂♂ -	12-13-14 ♀♀	t=2,2441 "	327 G.L.	0,05 > P > 0,02
15-16-17 ♂♂ -	15-16-17 ♀♀	t=0,0039 "	216 G.L.	P > 0,9
18-19-20 ♂♂ -	18-19-20 ♀♀	t=0,4968 "	18 G.L.	0,7 > P > 0,6

CONTENIDO PROTEICO TOTAL

6- 7- 8 ♂♂ -	6- 7- 8 ♀♀	t=0,1245 para	85 G.L.	P > 0,9
9-10-11 ♂♂ -	9-10-11 ♀♀	t=3,0767 "	151 G.L.	0,01 > P > 0,001
12-13-14 ♂♂ -	12-13-14 ♀♀	t=0,396 "	327 G.L.	P > 0,9
15-16-17 ♂♂ -	15-16-17 ♀♀	t=0,2319 "	206 G.L.	0,9 > P > 0,8
18-19-20 ♂♂ -	18-19-20 ♀♀	t=0,3014 "	18 G.L.	0,8 > P > 0,7

Tal análisis de la varianza ofreció los siguientes resultados para el contenido lípidico total en muestras de cerumen humano según el sexo.

CUADRO N° 21

VARONES

Fuente de variación	Suma de cuadrados	G.L.	Varianza	Razón de la varianza
Entfe grupos	0,2660	5 - 1 = 4	0,0665	3,1818
Dentro de grupos	8,3184	420 - 6 =414	0,0209	

MUJERES

Fuente de variación	Suma de cuadrados	G.L.	Varianza	Razón de la varianza
Entre grupos	0,2319	5 - 1 = 4	0,0579	2,6559
Dentro de grupos	8,3342	387 - 5 =382	0,0218	

Las diferencias entre los promedios fueron significativas para un coeficiente de seguridad del 95% pero no para el 99%. Por tanto el análisis de la varianza, nos indica una heterogenidad entre los grupos de diferentes edades, por lo cual se puede deducir a un nivel de probabilidad del 5% la influencia que puede tener la edad en el contenido lipídico del cerumen humano.

Para el contenido protéico, el análisis de la varianza refleja para varones y mujeres los siguientes resultados.

CUADRO N° 22

VARONES

Fuente de varianza	Suma de cuadrados	G.L.	Varianza	Razón de la varianza
Entre grupos	0,0944	5 - 1 = 4	0,0236	2,36
Dentro de grupos	4,1682	420 - 5 = 415	0,0100	

MUJERES

Fuente de varianza	Suma de cuadrados	G.L.	Varianza	Razón de la varianza
Entre grupos	0,1814	5 - 1 = 4	0,0454	3,3630
Dentro de grupos	5,1907	387 - 5 = 382	0,0135	

Las diferencias entre los valores medios para varones está muy cerca del límite de significación del 5% ya que $F = 2,36 \leq 2,37$, mientras que en las mujeres las diferencias entre los promedios si fueron estadísticamente significativas para un coeficiente de seguridad de 95 y 99%, lo que nos indica que en el sexo femenino la edad si puede influir en el contenido protéico de dicha secrección.

La representación gráfica (Figura n° 20 a y b), expresan la variabilidad del contenido lipídico y proteíco, según la edad y sexo. Para los lípidos totales (Figura 20, a), los máximos niveles se presentan en la infancia, disminuyendo progresivamente hasta el periodo puberal. La disminución se manifiesta de forma inversa al que fisiológicamente cabría esperar, en que la producción de grasa segregada en la superficie de la piel, sería más baja en edades tempranas, aumenta hasta el periodo puberal, adquiriendo valores estacionarios en adultos.

Respecto a la variación del contenido proteíco del cerumen con la edad (Figura 20, b) parece ir decreciendo progresivamente desde las edades tempranas a las tardías. Quizás esto tenga, al igual que el contenido lipídico, una implicación metabólica, ya que, como es sabido el estado fisiológico del individuo parece estar implicado directamente en la cantidad y contenido de dicha secreción.

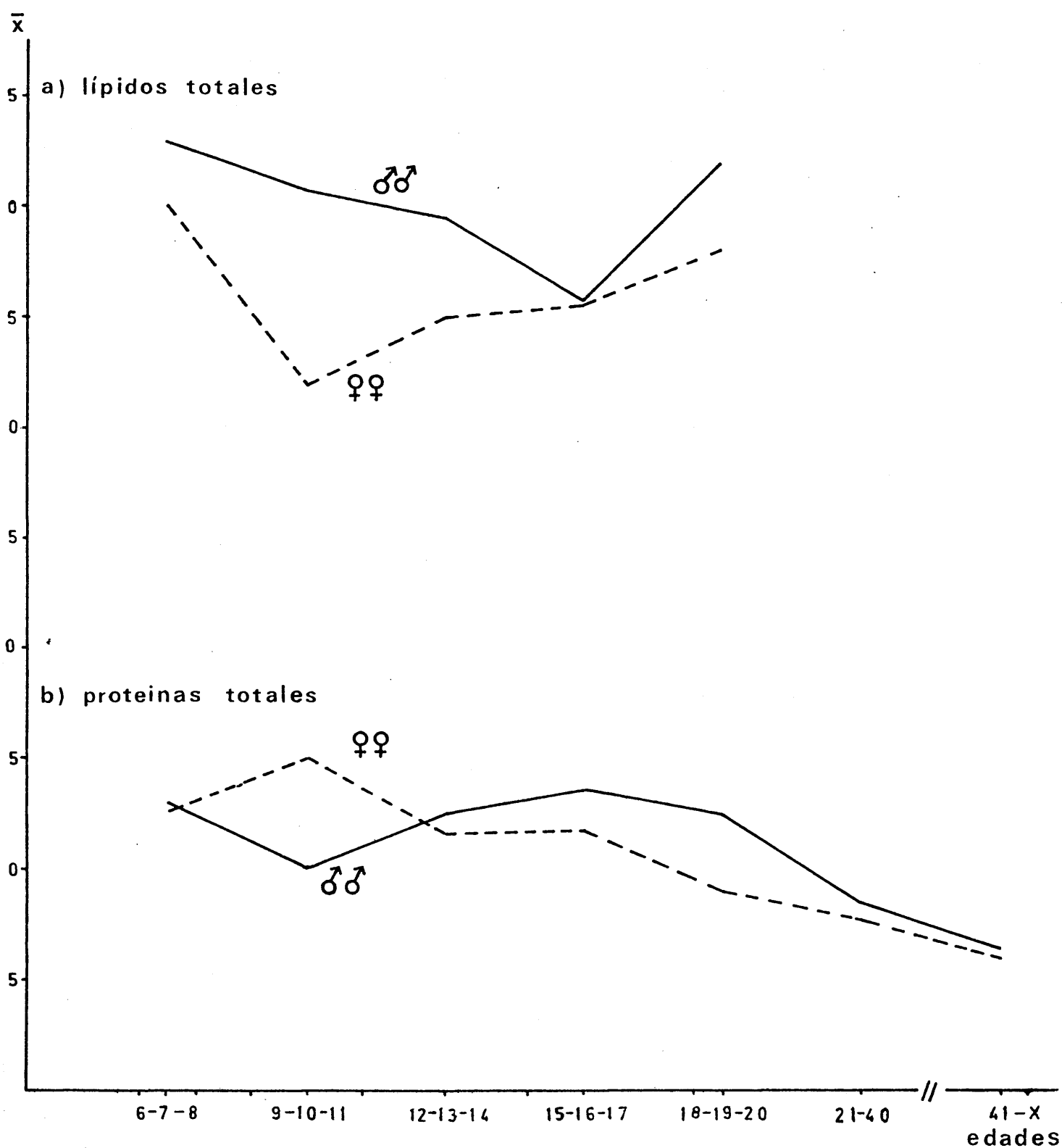


Figura nº20.- Variación del contenido lipídico y proteíco total en cerumen humano según la edad y el sexo.

4. 4. PRESENCIA DE SUSTANCIAS ANTIGENICAS CON ESPECIFICIDAD GRUPAL ABH EN EL CERUMEN .

YAMANY (1.926) e independientemente LANDSTEINER y LEVINE, descubrieron que las sustancias de grupo no están limitadas a los glóbulos rojos, sino que también se presentaban en otras secreciones del cuerpo humano tales como saliva, sudor, etc. Posteriormente SHIFF y SASAKI (1.932), pudieron observar que la secreción de ABH era hereditaria y además que respondía a un tipo de herencia menómérica autosómica. Los genes responsables de dicho caracter no están ligados al sistema ABO. Los genotipos resultantes de la combinación de los dos alelos Se y se, serían:

<u>genotipos</u>	<u>fenotipos</u>
Se Se	secretor
Se se	secretor
se se	no secretor

4. 4.1. Estimaciones de las frecuencias alélicas. Asociación del caracter secretor con el sistema ABO

En el Cuadro n° 23 se muestran los fenotipos

de cerumen atendiendo al carácter secretor y no secretor, desglosados por sexos.

Mediante la χ^2 , se objetivó la presencia o ausencia de dimorfismo sexual, obteniendo un valor de $\chi^2 = 0,9361$ que para 1 grado de libertad dió una probabilidad de $0,50 > P > 0,30$. Todo ello fué referido al cerumen húmedo ya que en los 8 individuos portadores de seco, la frecuencia de secretores fué nula.

CUADRO N° 23

CERUMEN HUMEDO

	Secretor	No secretor
Varones	12	52
Mujeres	25	74

$$\chi^2 = 0,9361 \quad \text{G.L. 1} \quad 0,50 > P > 0,30$$

CERUMEN SECO

	Secretor	No secretor
Varones	0	4
Mujeres	0	4

A continuación se hallaron las frecuencias alélicas a partir de las fenotípicas (NEEL y SCHULL, 1.954).

$$Se = 0,2270 \pm 0,0496$$

$$se = 0,7730 \pm 0,0496$$

Una vez halladas dichas frecuencias se distribuyeron según el carácter secretor -no secretor y también con arreglo al grupo sanguíneo de los sujetos examinados. De este modo se objetivó la posible asociación entre el sistema ABO y el carácter secretor (Cuadro n° 24). El valor obtenido fué de $\chi^2 = 3,101$ que para tres grados de libertad dió una probabilidad de $0,30 > P > 0,20$.

4. 4.2. Frecuencias de secretores y no secretores

ABH según el tipo de cerumen y grupo sanguíneo.

Posteriormente se hallaron las frecuencias porcentuales (Cuadro n° 24) respecto a cada grupo sanguíneo, con el fin de establecer comparaciones con otros datos aparecidos en la bibliografía. Se observa que el mayor número de secretores corresponde a los grupos sanguíneos A y O.

CUADRO N° 24

FRECUENCIA DE SECRETORES Y NO SECRETORES, SEGUN EL GRUPO SANGUINEA Y TIPO DE

G.S.	<u>CERUMEN</u>		<u>CERUMEN SECO</u>	
	<u>CERUMEN HUMEDO</u>		<u>CERUMEN SECO</u>	
	Secretores	No secretores	Total	Secretor. No Secr.Total
A	17 (26,1538)	48 (73,8461)	65 (39,877)	0 2 2
B	1 (20,0000)	4 (0,0000)	5 (3,0674)	0 0 0
O	19 (22,6190)	65 (77,3800)	84 (51,3333)	0 6 6
AB	0 (0,0000)	9 (100,00)	9 (5,5214)	0 0 0
	37 (22,6993)	126 (77,3006)	163 (99,9999)	0 8 8

$$\chi^2 = 3,101 \quad G.L. = 3 \quad 0,30 > P > 0,20$$

Ya se hizo señalar en el capítulo de material y métodos las titulaciones Anti-A, Anti-B y Anti-H, para la identificación del carácter secretor. Atendiendo a ésto se elaboró un cuadro con arreglo a la distribución que expresa los títulos de Anti-A y Anti-H, según el nivel de dilución de cerumen (Cuadro N°25)

CUADRO N° 25

Sist. A B O	DILUCIONES DE CERUMEN							Tot.
	1/50	1/100	1/150	1/200	1/250	1/300	1/350	
A	3 (23,52)	7 (41,76)	2 (17,74)	1 (5,88)	1 (5,88)	1 (5,88)	1 (5,88)	17
O	1 (5,26)	3 (15,78)	4 (21,05)	7 (36,84)	1 (5,26)	2 (10,26)	1 (5,26)	19
B	1							1

Se observa que para individuos de grupo sanguíneo A, la mayor frecuencia (Figura 21), correspondería a una dilución de cerumen relativamente pequeña 1/100 disminuyendo progresivamente hasta la dilución 1/350.

Con respecto a los de grupo sanguíneo O, la distribución es diferente (Figura n° 22), apareciendo el valor modal en la dilución 1/200. Como se puede observar, tanto las distribuciones para Anti-A, como

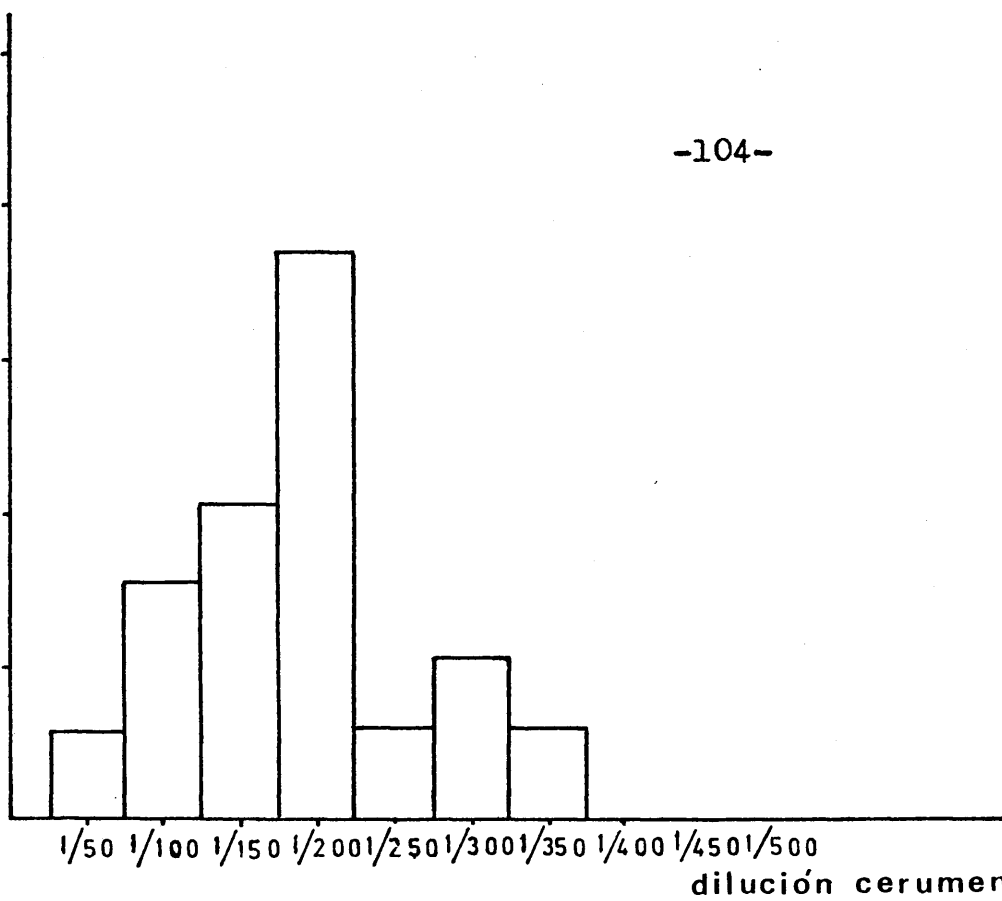


Figura n° 22.- Distribución del título Anti-H1/50 en cerumen húmedo.

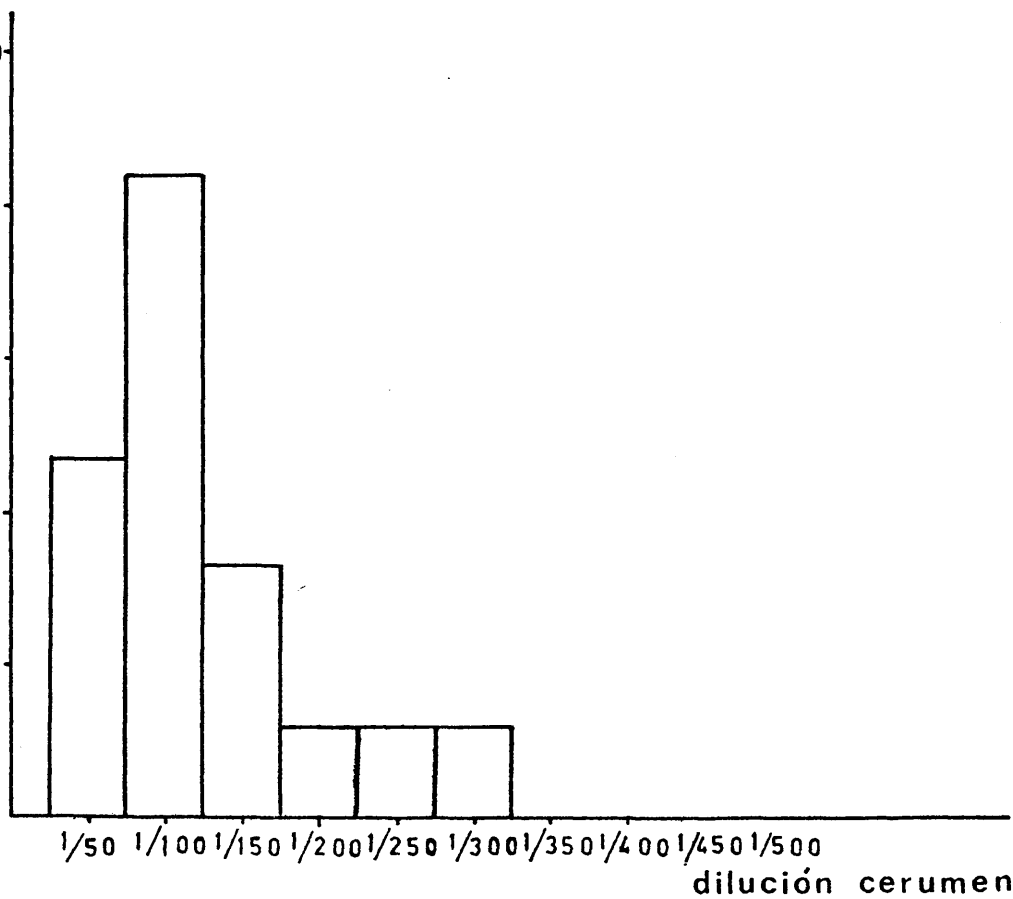


Figura n° 21.- Distribución del título Anti-A1/32 para cerumen húmedo.

para Anti-H, no llegaron a manifestarse a diluciones elevadas de cerumen. Esto podría deberse a que en esta secreción, los niveles de sustancias con especificidad grupal, deben ser bastante bajos en comparación con otros tipos de secreciones, tales como la salival.

No ha sido posible establecer comparaciones con otros grupos raciales ya que el único trabajo existente (HAYASHI , 1.958), sobre presencia de sustancias con especificidad de grupo en cerumen hace referencia a una muestra de 40 japoneses. La titulación que se empleó para la dererminación del caracter secretor, no se especifica en el mencionado trabajo. Solo se señala la existencia de tales antígenos, haciendo una comparación con la secreción salival.

De igual manera, nosotros obtuvimos de cada individuo examinado un poco de saliva, para la posterior determinación del caracter secretor. La titulación de Anti-A, Anti-B y Anti-H para la secreción salival fué de 1/4, 1/4 y 1/40 respectivamente. Así se pudo obtener una distribución del título Anti-H para estos dos tipos de secreciones (Figura nº 23). Como puede observarse, los niveles de Anti-H, correspondiente a saliva llegan a manifestarse a una dilución más elevada, prueba evidente de que en este líquido, los niveles de sustancias con especificidad

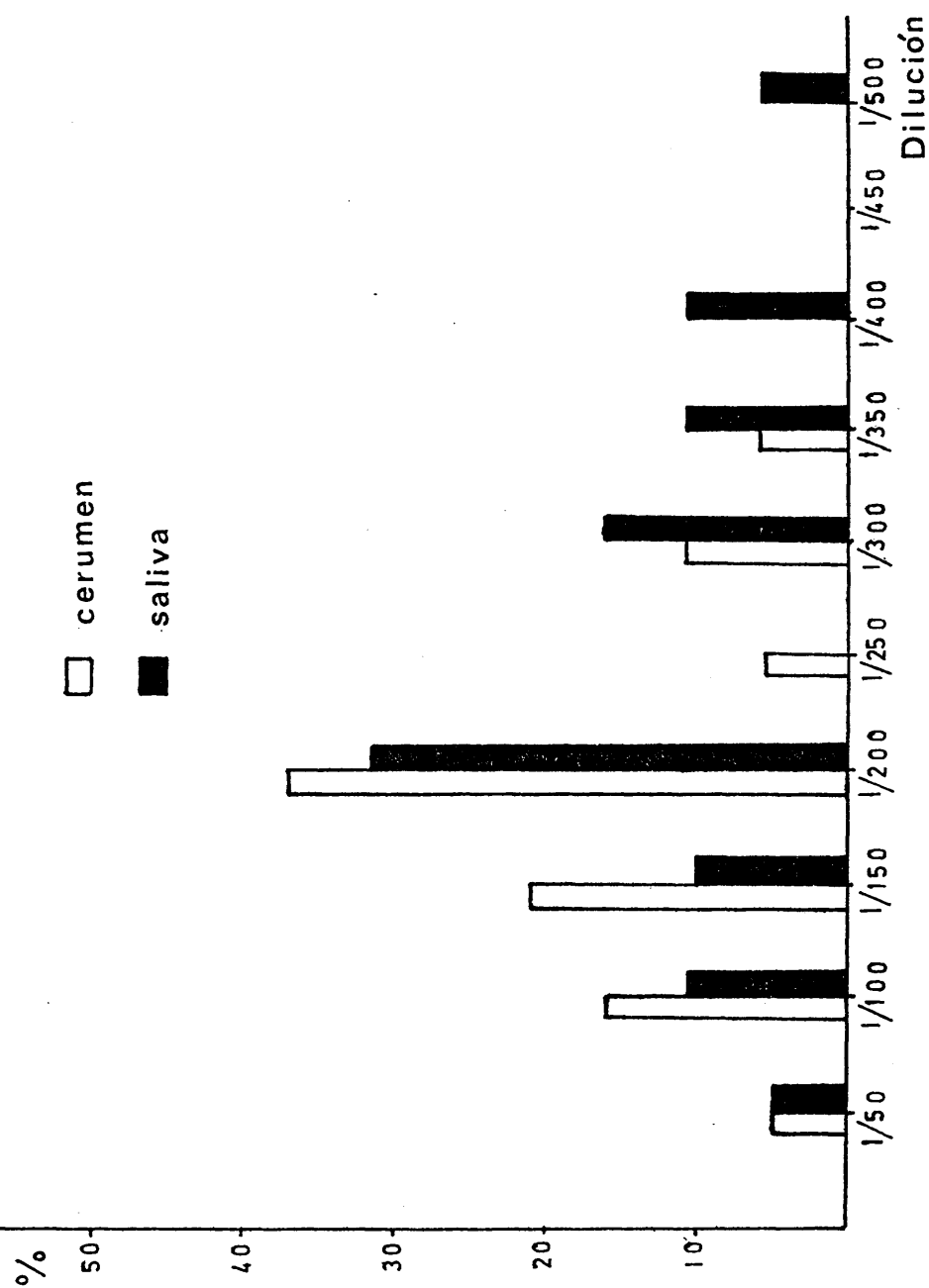


Figura n° 23.- Distribución del título de Anti-H en cerumen húmedo y saliva para individuos secretores.

de grupo, son más acusados que en la secreción ceruminosa.

4. 5.- MODELOS TEORICOS DE HERENCIA PARA CARACTERES
CON DOMINANCIA COMPLETA

Cuando se hereda un rasgo normal o una enfermedad, la confirmación de su herencia se puede obtener según un modelo teórico. Por tanto, si un carácter se hereda como dominante ó recesivo es útil conocer cual es su verdadero tipo de segregación mendeliana, para poder comparar las proporciones en que se encuentra con las que teóricamente cabría esperar. En el caso de que un rasgo polimórfico, como es el cerumen humano, aparezca bajo dos formas diferentes, húmeda y seca, su modo de herencia se puede estudiar mediante el análisis de árboles genealógicos. Sin embargo, a veces, la transmisión de un rasgo determinado de tipo dominante puede presentar una serie de complicaciones, ya que personas portadoras de aquél, no lo expresan tal y como les podría corresponder, debiéndose ésto a la acción de factores genéticos o ambientales que eviten su expresión fenotípica total. La distribución de caracteres polimórficos controlados por un locus autosómico dialélico, expresa unas diferencias claras entre sus fenotipos, mientras que aquellos controlados por varios genes no muestran una distribución

bimodal sino continua. Hay muchas controversias acerca de rasgos, como son los fisiológicos, somatológicos, etc., que en principio se creían ajustados a un tipo de herencia mendeliana simple y cuyo modelo de herencia parecer en realidad adaptarse a un tipo multifactorial o poligénico: presión sanguínea, pigmentación de la piel, estatura, etc. Pero lo que sí parece evidente es la existencia de caracteres cuyo polimorfismo está bien definido: sistema AB0, deficiencia de G-6-P-D, anemia falciforme, etc. Su herencia, está controlada por un locus con dos o más alelos siendo ésto perfectamente compresible con el tipo de herencia de sus componentes. Así, al estudiar las distribuciones de frecuencias de las sustancias con especificidad grupal como son los antígenos A y B, se presentan claras distribuciones continuas que pueden obedecer a la acción de varios loci, responsables de su expresividad.

El modelo de herencia que parece seguir el cerumen humano, fundándose en las proporciones fenotípicas que aparecen en la descendencia de los diferentes tipos de cruzamientos, es el mendeliano simple.

En las Figuras n° 5 y n° 6 se muestran las distribuciones de los dos fenotipos observados, para los dos componentes bioquímicos; lípidos y proteínas totales. Se observa la aparición de una curva bimodal con un grado de solapamiento entre ellas. Esta zona de transgresión o de solapamiento, ¿podría deberse a los individuos heterocigotos para el alelo H?

La única forma de responder a esto, sería el disponer de un método bioquímico o genético capaz de diferenciar los genotipos HH o HS.

Hay que señalar que la expresión fenotípica de la forma húmeda del cerumen, no se presenta siempre bajo el mismo aspecto, encontrándose bastante variabilidad en su expresión pero siempre distinguible de la forma seca. ¿Qué causas podrían atribuirse a la variabilidad en la expresión de los efectos del alelo H? En principio, podrían ser las siguientes:

1°.- Causas genéticas:

- . Penetración incompleta.
- . Expresividad variable.
- . Presencia de genes modificadores.

2°.- Causas ambientales:

- . Grado de humedad.
- . Temperatura.

3°.- Causas intrínsecamente fisiológicas del individuo.

Hasta la fecha se han presentado algunos trabajos acerca de la herencia del cerumen (MORI-TA, 1.947; MATSUNAGA, 1.954; HAYASHI, 1.958)... con el fin de demostrar que dicho carácter responde a una herencia mendeliana simple. En cierto locus autosómico, existirían dos alelos diferentes H y S, de cuya combinación aparecerían tres genotipos distintos:

<u>genotipos</u>	<u>tipo de cerumen</u>
HH	Húmedo
HS	Húmedo
SS	Seco

La constitución genética de una población estaría definida por la proporción de individuos con uno u otro genotipo y con arreglo a las frecuencias alélicas halladas a partir de las frecuencias genotípicas.

De los tres genotipos posibles en el citado locus dialélico, se podrían obtener seis tipos de cruzamientos posibles, sin tener en cuenta los re_cíprocos (Cuadro n° 26).

CUADRO N° 26. TIPOS DE CRUZAMIENTOS PARA GENES AUTOSOMICOS

<u>Padres</u>	<u>Descendencia</u>		
	<u>HH</u>	<u>HS</u>	<u>SS</u>
HH x HH	1	0	0
HH x HS	1/2	1/2	0
HS x HS	1/4	1/2	1/4
HH x SS	0	1	0
HS x SS	0	1/2	1/2
SS x SS	0	0	1

Para el análisis de la herencia, hemos utilizado "fratrias", obtenidas en la población general y genealogías.

Como ya se indicó en el segundo capítulo, se utilizaron un total de 115 árboles genealógicos con un total de 301 hijos, de ellos 142 varones y 159 mujeres.

Las familias fueron elegidas al azar sin relación conocida de parentesco entre los cónyuges, por lo que se puede hablar de una población panmíctica o de cruzamientos aleatorios. Todas ellas estaban ubicadas en la Zona Centro y aunque se intentaron escoger con un número de hijos de tres o más, no se descartaron las de hijo único (Cuadro n° 27).

Los tipos de matrimonios se distribuyeron según el fenotipo de cerumen, haciendo lo mismo con la progenie, siempre desglosada por sexos (Cuadro n° 28).

Por medio de la χ^2 , se objetivó la posible asociación con el sexo que pudiera existir entre las dos formas fenotípicas obteniéndose un valor de $\chi^2 = 1,3430$ que para 1 G.L. da una probabilidad de $0,80 > P > 0,70$. Este valor nos confirma la ausencia de dimorfismo sexual, dato concordante a los hallados para otros grupos étnicos.

Apoyándonos en las frecuencias absolutas de matrimonios y número de hijos correspondientes a cada tipo de cruzamiento calculamos los valores porcentuales para cada uno de ellos, así como para su descendencia (Cuadro n° 28). El número de cruzamientos en-

CUADRO N° 27

NUMERO DE HIJOS DE CADA SEXO PARA DIFERENTES TAMAÑOS

DE FAMILIAS

N° de hijos en la familia	N°de fa- milias	Hijos	Hijas	Total
1	25	15	10	25
2	35	33	37	70
3	30	32	58	90
4	15	32	28	60
5	6	20	10	30
6	3	7	11	18
8	1	5	3	8
Total	115	144	157	301

tre las formas dominantes presenta la cifra más elevada. La frecuencia porcentual de cerumen seco obtenida, representaría la media general para la población española, ya que los matrimonios utilizados en nuestro estudio, no todos ellos procedían de la Zona Centro.

4. 5.1. Calculo de las frecuencias alélicas. Modelo según Snyder.

Suponiendo panmixia en la población, la frecuencia del alelo responsable del carácter seco, se obtuvo de la siguiente forma:

$$q = \sqrt{\frac{2n (SS \times SS) + n (H- \times SS)}{2 N}}$$

de donde:

N = número total de cruzamientos.

n = número de matrimonios en que al menos uno de los cónyuges presenta cerumen seco.

S = fenotipo seco H = fenotipo húmedo

Como la población se supone en equilibrio, $p + q = 1$ por tanto:

CUADRO N° 28

TIPOS DE CRUZAMIENTOS Y DESCENDENCIA, SEGUN LAS DOS FORMAS FENOTIPICAS DE CERUMEN

Tipo de cruzamiento	F _a	F _r	Hijos		Hijas	
			Húmedo	Seco	Húmedo	Seco
HUMEDO x HUMEDO	98	85,21	114	7	130	6
HUMEDO x SECO	10	8,70	11	3	12	3
SECO x HUMEDO	6	5,21	4	1	8	0
SECO x SECO	1	0,87	0	2	0	0
TOTAL	115	99,99	129 (42,86%)	13 (4,32)	150 (49,83)	9 (2,99)

$$\chi^2 = 1,3430 \quad \text{G.L.} = 2; \quad 0,80 > P > 0,50$$

$$p = 1 - q, \quad q = \sqrt{\frac{2 \times 1 + 16}{115 \times 2}} = \sqrt{0,0782} = 0,2797$$

Para el análisis de las frecuencias teóricas correspondientes a los tipos de cruzamiento y descendencia, se siguió el método SNYDER (1.954) (Cuadro n° 2), que como sabemos sólo es aplicable para casos de dominancia. Por consiguiente, si estamos frente a un locus dialélico con dominancia completa los genotipos en condición heterozigótica quedarían completamente enmascarados, por lo que nos encontraríamos frente a tres tipos de cruzamientos fenotípicos:

Húmedo x Húmedo

Húmedo x Seco

Seco x Seco

Dentro del primer tipo, los genotipos que pueden aparecer son:

HH x HH

HH x HS

HS x HS

y respecto al segundo tipo de cruzamiento: Húmedo x Seco, los genotipos posibles son:

HH x SS

HS x SS

Las proporciones de recesivos S_1 y S_2 (Coeficientes de SNYDER) poseen una doble propiedad:

- a.- Varían en la misma población según el carácter, dependiendo de las frecuencias que lo determinan.
- b.- Pueden cambiar de población en población para el mismo carácter, dependiendo de las frecuencias alélicas del mismo, en las poblaciones respectivas.

El valor, pues de S_1 entre los padres H- x SS sería la siguiente proporción:

$$S_1 = \frac{2 p q^3}{2 q^2 (1 - q^2)} = \frac{q}{1 - q}$$

De la misma manera, la proporción de recesivos, entre los descendientes de padres H- x H-, sería el promedio ponderado de los tres cruzamientos genotípicos que dan lugar a 0, 0, y 1/4 de recesivos. La proporción media sería:

$$S_2 = \frac{p^2 q^2}{p^2 (1 - q)^2} = \frac{q^2}{(1 - q)^2} = S_1^2$$

En el Cuadro n° 29 vienen consignados los va

CUADRO N° 29

CALCULO DE LAS FRECUENCIAS TEORICAS CORRESPONDIENTES A LOS DISTINTOS TIPOS DE CRUZAMIENTOS Y

DESCENDENCIAS							
Tipos de matrimonios	Frecuencia de los matrimonios		Descendencia				N° de Hijos
	Obser.	Esper.	Húmedos		Secos		
			Obser.	Esper.	Obser.	Esper.	
HUMEDO x HUMEDO	98	97,7172	244	243,5140	13	12,2116	257
HUMEDO x SECO	16	16,5794	35	33,9091	7	9,4514	42
SECO x SECO	1	0,7026	0	0,0000	2	1,8406	2
	115	114,9992	279	277,4231	22	23,5036	301

$$\chi^2 = 0,058 \quad \text{G.L. } 2$$

$$0,98 > P > 0,95$$

$$\chi^2 = 0,408 \quad \text{G.L. } 2$$

$$0,90 > P > 0,80$$

lores teóricos respecto a los tres tipos de cruzamientos y descendencia según el modelo de SNYDER (LI, 1.969). Fundándonos en los valores empíricos se hallaron las frecuencias alélicas para H y S, respectivamente. Los valores de χ^2 obtenidos fueron

Total de cruzamientos	N = 115	$\chi^2 = 0,058$	$0,98 > P > 0,95$
Total de hijos	N = 301	$\chi^2 = 0,408$	$0,90 > P > 0,80$

por lo que la herencia del carácter parece quedar demostrada según el modelo de herencia sencilla: un locus con dos alelos.

A continuación se analizó la proporción de recesivos respecto a cada tipo de cruzamiento (Cuadro n° 30), valorando las diferencias, $F_e - F_t$ mediante un χ^2 , obteniéndose un valor de $\chi^2 = 0,005$ que para dos grados de libertad, da una probabilidad de $0,95 > P > 0,90$, valor que nos confirma la herencia de este carácter según el modelo de herencia monómera autosómica.

CUADRO N° 30

ESTIMACION DE LA PROPORCION DE RECESIVOS APARECIDOS EN LA DESCENDENCIA SEGUN EL TIPO DE CRUZAMIENTO

Tipo de cruzamiento	N	Descendencia		Total	Proporción de descendientes recesivos	
		Humedos	Secos		Empíricas	Teóricas
HUMEDO x HUMEDO	98	244	13	257	0,0503	0,0476
HUMEDO x SECO	16	35	7	42	0,1666	0,2179
SECO x SECO	1	0	2	2	1,0000	1,0000

TOTAL	115	279	22	301	$\chi^2 = 0,005$
					G.L. = 2 0,95 > P > 0,90

4. 5.2. Método de Fisher

Para la utilización de este método, se clasificaron los matrimonios según el criterio anterior:

Húmedo x Húmedo

Húmedo x Seco

Seco x Seco

En el Cuadro n° 31 vienen consignados los tipos de matrimonios con arreglo al tamaño de la familia. A continuación se obtuvieron las probabilidades de que toda la descendencia fuese de fenotipo dominante.

Las frecuencias alélicas H y S, fueron las calculadas por el método anterior:

$$q = \sqrt{\frac{2 n (SS \times SS) + n (H- \times SS)}{2 N}} =$$

$$= \sqrt{0,0782} = 0,2797$$

$$p = 1 - 0,2797 = 0,7203$$

Para cruzamientos H- x H-.

$$\sum_s N_s \cdot \left[1 - \left(\frac{2 q}{p + 2q} \right)^2 \right] + (3/4)^s \left(\frac{2 q}{p + 2q} \right)^2$$

Para cruzamientos H- x SS.

$$\sum_s \cdot N_s \left(\frac{p}{p + 2q} \right) + (1/2)^s \left(1 - \frac{p}{p + 2q} \right)$$

donde N_s = número de familias de tamaño "s".

Una vez calculadas las probabilidades para cada tamaño familiar, siempre según el tipo de cruza miento, se obtuvo el número esperado de familias con todos los hijos portadores del fenotipo dominante, multiplicando cada probabilidad por el número total de familias de tamaño "s" (Cuadro n° 31).

A continuación, y dentro de cada cruzamien- to, se separaron las familias según que todos los hi- jos portasen el caracter dominante o que al menos uno de ellos llevase el fenotipo recesivo. Se obtuvo se- guidamente el número de familias esperado en cada ca- so, (Cuadro n° 32). El χ^2 hallado para el cruzamien- to H- x H- fué de 0,1293 que para dos grados de liber- tad da una probabilidad que oscila entre $0,95 > P > 0,90$. El valor de χ^2 no fué estadísticamente significativo por lo que nuestros datos de nuevo contribuyen a apo- yar la hipótesis de que el mecanismo de herencia del cerumen parece responder a un tipo mendeliano simple.

CUADRO N° 31

APLICACION DEL METODO DE FISHER PARA CARACTERES CON DOMINANCIA COMPLETA (CERUMEN HUMANO)

Tipos de matri- monios	Tamaño de fa- milias	N° de fami- lias	N° de fami- lias sin hi- jos recesi- vos	Probabilidad da do el tamaño fam. q. no ten- gan hijos SS	N° esperado de familias sin hijos SS
II- x H-	1	23	22	0,9522	21,9006
	2	29	28	0,9164	26,5756
	3	25	24	0,8895	22,2375
	4	13	10	0,8694	11,3026
	5	5	2	0,8543	4,2715
	6	2	2	0,8429	1,6859
	8	1	1	0,8281	0,8281
H- x SS	1	2	2	0,7814	1,5628
	2	6	3	0,6721	4,0326
	3	5	1	0,6174	3,0870
	4	2	2	0,5901	1,1802
	5	1	1	0,5764	0,5764
	6	1	1	0,5696	0,5696
	8	0	0		

CUADRO N° 32

NUMERO DE FAMILIAS ESPERADAS, SEGUN QUE LA DESCENDENCIA PORTASEN TODOS EL CARACTER DOMINANTE O QUE AL MENOS UN ELEMENTO DE LA FRATRIA LLEVASE EL FENOTIPO RECESIVO.

Matrimonios	Clases de familia	N° observado de familias	N° esperado de familias	χ^2	G.L.
H- x H-	Todos los hijos H-	89	88,8018	0,00232	1
	Al menos un hijo SS	9	9,1982		
H- x SS	Todos los hijos H-	10	11,0086	0,12614	1
	Al menos un hijo SS	7	5,9914		
TOTAL		115			2

$$\chi^2 = 0,1293$$

$$0,95 > P > 0,90$$

4. 5.3. Método de Penrose: análisis de fratrías

Para ello se utilizaron un total de 173 fratrias repartidas en 429 pares de hermanos. La metodología seguida para el tratamiento de los datos fué el ideado por PENROSE (1.932), utilizado posteriormente por PONS (1.960) en el estudio de la herencia de la PTC. La distribución de las fratrías, y la repartición en pares de hermanos vienen consignadas en el Cuadro n° 33.

CUADRO N° 33

N° de hermanos de cada fratria	N° de fratrias	N° de individuos	N° de pares de hermanos
2	117	234	117
3	31	93	93
4	16	64	96
5	5	25	50
6	3	18	45
8	1	8	28
TOTALES	173	442	429

Según la forma de cerumen que poseyeran, los pares de hermanos, se agruparon en cuatro formas posibles:

- 1.- Ambos hermanos fenotipo húmedo (HH).
- 2.- El hermano mayor húmedo y el menor seco (HS).
- 3.- El hermano mayor seco y el menor húmedo (SH).
- 4.- Ambos hermanos son de fenotipo seco (SS).

A continuación se obtuvieron las frecuencias teóricas de acuerdo con la hipótesis de proporcionalidad simétrica, para poder así compararlas con las empíricas obtenidas de nuestra muestra.

Sería preciso señalar que la proporcionalidad simétrica se presenta cuando las frecuencias de dichas combinaciones se dan al azar.

Las frecuencias teóricas se calcularon según la relación:

$$t^2 : t(1-t) : (1-t)t : (1-t)^2$$

de donde

t = proporción de individuos con cerumen húmedo.

$1 - t$ = proporción de individuos con cerumen seco.

$$t = \frac{2n(HH) + n(HS) + n(SH)}{2N}$$

siendo n = número de pares de hermanos correspondientes a cada combinación.

N = número total de pares de hermanos.

En el Cuadro n° 34 se expresan las frecuencias empíricas y teóricas pertenecientes a cada combinación .

CUADRO N° 34

Tipos de pares de hermanos		Frecuencias empí- ricas	Frecuencias teó- ricas
+	+	382	372,9596
	-	17	27,0399
	+	19	27,0399
	-	11	1,9604
		<hr/>	<hr/>
		429	428,9998

Siendo + (H) fenotipo húmedo

- (S) fenotipo seco

Como se puede observar las frecuencias de los fenotipos concordantes HH y SS, superan a las discordantes. Por tanto hallamos la significación de las diferencias entre las frecuencias empíricas con las teóricas, obteniendo un valor de $\chi^2 = 48,0198$, que para dos grados de libertad da una probabilidad de $P > 0,001$. El obtener un valor de χ^2 cuya significación estadística

era tan elevada, nos confirmaba la heredabilidad del caracter, y por tanto rechazaba la hipótesis de proporcionalidad simétrica.

A continuación se procedió a comprobar si este rasgo se ajustaba al modelo de herencia monómera autosómica, mediante el empleo de fratrias.

Las frecuencias de los cuatro pares de hermanos pueden expresarse en términos de "q", siendo $q = 1 - t$, considerando siempre que la población bajo estudio es panmíctica.

En el Cuadro nº 35 vienen expresadas las frecuencias teóricas, correspondientes a cada posible par de hermanos. Las diferencias entre las frecuencias empíricas menos las teóricas se objetivaron mediante un χ^2 , cuyo valor fué de $\chi^2 = 0,1666$, cifra no estadísticamente significativa. La probabilidad obtenida fué de $0,98 > P > 0,95$, confirmándose la posible existencia para este caracter de una locus dialélico responsable de la herencia.

CUADRO N° 35

FRECUENCIAS EMPIRICAS Y TEORICAS DE LAS CUATRO CLASES POSIBLES DE HERMANOS
PARA LA DETERMINACION DE LA HERENCIA MONOMERA AUTOSOMICA EN CERUMEN HUMANO

Tipos de pares de hermanos	Frecuencias empíricas	Frecuencias teóricas
HH	382	382,5155
HS	17	17,4901
SH	19	17,4901
SS	11	11,5103
	429	429,0060

$$\chi^2 = 0,1666 \quad G.L. = 2 \quad 0,98 > P > 0,95$$

4. 5.4. Datos familiares correspondientes a otros grupos raciales

Varios han sido los trabajos realizados en estos últimos años en familias japonesas, para dilucidar el modelo de herencia del cerumen. MIYAKE (1.932), ADACHI (1.937), NOZOE (1.943), MORITA (1.947), ICHIDA y col. (1.949), TAKAMIYA (1.952), MATSUNAGA (1.954), HAYASHI (1.958), PETRAKIS, MOLOHON y TEPPER (1.967), analizaron las implicaciones genéticas de los diferentes tipos de cerumen en Amerindios.

Todos sus resultados, parecen indicar que el tipo de herencia de dicho rasgo polimórfico responde a un modelo mendeliano simple, controlado por un locus dialélico con dominancia completa, HS . El genotipo responsable del cerumen húmedo correspondería a HH y HS, respectivamente, siendo el del seco SS. Los datos familiares correspondientes a familias japonesas e indios americanos vienen consignados en los cuadros n°s 36, 37, 38 y 39. Los resultados obtenidos por nosotros concuerdan con los estimados por dichos autores en determinados troncos raciales sobre el tipo de herencia monomera autosómica.

CUADRO N° 36

DATOS DE FAMILIAS, DE INDIOS AMERICANOS. PROPORCION DE
CERUMEN SECO APARECIDO EN LA DESCENDENCIA (PETRAKIS, 1.957)

Matrimonios		Hijos				
Tipos de combinación	N°	N° cerumen		Proporc. cerumen seco		
		Húmedo	Seco	Obs.	Calc.	G.L.
H- x H-	10	32	6	.15	.18	.012
H- x SS	8	20	9	.31	.42	.014
SS x SS	12	0	42	1.0	1.0	

$$\chi^2_{2 \text{ G.L.}} = 0,0128$$

$$P > 0,99$$

CUADRO N° 37

FRECUENCIA DE APARICION DE CERUMEN SECO, EN LOS CRUZAMIENTOS HUMEDO X
SECO Y SECO X HUMEDO, ATENDIENDO AL N° DE HIJOS POR FAMILIA (MORITA,
1.946).

Tamaño familia	n° familias	F _e	F _t	$\frac{(F_e - F_t)^2}{F_t}$	χ^2
1	15	15	15	0	
2	31	43	46,5	0,26	
3	33	66	66,0	0	
4	16	34	40,0	0,90	4,55
5	17	46	51,0	0,49	
6	11	31	38,5	1,46	P > 0,70
7	3	16	12,0	1,33	
8	2	8	9,0	0,11	

CUADRO N° 38

HERENCIA DE LOS TIPOS DE CERUMEN: DATOS DE FAMILIAS
DE TOKYO (MATSUNAGA, ITOH, SUZUKI y SUGIMA, 1.954).

Matrimonios	Nº familias		Tipos de hijos				Totales
			Húmedo		Seco		
	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	
H- x H-	14	16,1	35	36,7	12	10,3	47
H- x SS	116	111,7	205	212,7	195	187,3	400
SS x SS	191	193,2	0	0	634	634,0	634
Totales	321	321,0	240	249,4	841	831,6	1081

$$\chi^2_{2G.L.} = 0,47$$

$$\chi^2_{2G.L.} = 0,96$$

$$0,80 > P > 0,50$$

$$0,80 > P > 0,50$$

CUADRO N° 39

DATOS DE FAMILIAS PROCEDENTES DE HOKKAIDO

(MATSUNAGA, 1.954).

Matrimonios	Nº familias		Tipos de hijos				Totales
			Húmedo		Seco		
	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	Obs.	Exp.	
H- x H-	7	4,4	36	30,1	3	8,9	39
H- x SS	38	43,2	77	87,9	91	80,1	168
SS x SS	108	105,4	0	0	421	421,0	421
TOTALES	153	153,0	113	118,0	515	510,0	628

$$\chi^2_{2 \text{ G.L.}} = 0,95$$

$$\chi^2_{2 \text{ G.L.}} = 4,86$$

$$0,70 > P > 0,50$$

$$0,10 > P > 0,05$$

4. 6. TIPO DE HERENCIA PARA EL CONTENIDO PROTEICO
DEL CERUMEN HUMANO

La herencia poligénica o multifactorial, como su nombre indica no depende de un par de alelos o de un gen, sino de la acción de varios genes di ó polialélicos con efecto aditivo y/o dominante, y de la acción de factores ambientales que pueden influir directamente en la fenogénesis. La utilización de árboles genealógicos para observar y valorar el grado de dependencia de caracteres heredables entre los miembros de una familia es el método más eficiente actualmente usado. Es fácil comprender que todos aquellos caracteres controlados por varios loci muestren una variación continua, mientras que los controlados por un par de alelos, mostrarán una clara diferenciación en su distribución. FISHER (1.918), demostró que había ciertos caracteres métricos que no contradecían la teoría mendeliana sino que podrían estar en perfecta armonía con ellos y de hecho podrían ser explicados racionalmente en términos de mendelismo. Igualmente demostró que el grado de parecido entre parientes, dada una herencia poligénica se podía estimar mediante una simple expresión matemática. Las

regresiones de los valores del caracter de hijos sobre padres, padres sobre hijos o hermanos con hermanos se estiman mediante el número de genes en común, entendiéndose como tales, los heredados de un mismo progenitor.

Las proporciones de genes en común se muestran en el Cuadro n° 40.

CUADRO N° 40

Relación de parentesco	Propor. de genes en común
Padre, hijo, hermanos	1/2
Gemelos, monozigóticos	1
Gemelos dizigóticos	1/2
Primos hermanos	1/8
Primos segundos	1/32

El coeficiente de correlación es equivalente al de regresión cuando dos regresiones, tales la de los hijos sobre los padres y padres sobre los hijos, son iguales.

$$r = \sqrt{b_1 \times b_2}$$

Sabemos que:

$$r = \frac{\text{cov. } x \ y}{\sigma_x \cdot \sigma_y} = \frac{\text{cov. } x \ y}{\sqrt{v_x \cdot v_y}}$$

Si b_1 = regresión de hijos sobre padres $b_{y/x}$.

b_2 = regresión de padres sobre hijos $b_{x/y}$.

$$b_1 = b_{y/x} = \frac{\text{cov. } x \ y}{\sigma_x} = \frac{\text{cov. } x \ y}{\sqrt{v_x}}$$

$$b_2 = b_{x/y} = \frac{\text{cov } x \ y}{\sigma_y} = \frac{\text{cov } x \ y}{\sqrt{v_y}}$$

$$r = \frac{\text{cov } x \ y}{\sigma_x \cdot \sigma_y} = \frac{\text{cov}^2 \ x \ y}{\sqrt{v_x \cdot v_y}} = \frac{\text{cov. } x \ y \cdot \text{cov } x \ y}{\sqrt{v_x \cdot v_y}} =$$

$$= \frac{\text{cov. } x \ y}{v_x} \times \frac{\text{cov. } x \ y}{v_y} = \sqrt{b_1} \times \sqrt{b_2} =$$

$$= \sqrt{b_1 \times b_2} = r$$

Las condiciones bajo las cuales se producen

los valores teóricos de parecidos intrafamiliares son:

- 1.- Que únicamente participe la herencia.
- 2.- Que entre los pares de genes no existan relaciones de dominancia ni recesividad, y que el genotipo hererozigótico sea de efecto intermedio entre los dos homocigotos.
- 3.- Que los valores de los caracteres a considerar, entre el esposo y la esposa no estén correlacionados, hecho que demostraría el cruzamiento al azar. Por tanto, dado que la distribución de frecuencias de la fracción proteica se ajusta a una distribución normal, nuestro propósito es encontrar los posibles grados de correlación entre los miembros de las familias (padres, madres e hijos), así como la estimación de la heredabilidad de dicho componente.

4. 6.1. El papel de la correlación en el análisis de la variación continua. Cálculo de los coeficientes de correlación.

Dada la semejanza entre padres e hijos, es

te parecido puede deberse : a) A la dotación genética. b) A la acción del medio ambiente. Al disociar estos factores de herencia y medio ambiente, es esencial que el grado de parecido se cuantifique bajo varios grados de relación o de medios ambientes.

Por tanto, hemos calculado los coeficientes de correlación considerando los siguientes tipos de relación de parentesco:

- 1) Padre-hijos. 2) Padres-hijas. 3) Madres-hijos.
- 4) Madres-hijas. 5) Valor medio de los padres (ambos) - hijos. 6) Valor medio de los padres (ambos) - hijas. 7) Promedio de ambos padres - promedio de todos los hijos. 8) Entre padres (ambos).

Como cabría esperar, los valores de "r", para los diferentes tipos de combinación fueron positivos, si bien existe una gran variabilidad entre ellos (Cuadro nº 41). El disponer de un número de pares de valores no muy elevado y con el fin de estimar la significación de todos los valores de "r" obtenidos, se hallaron los límites de confianza para cada uno de ellos, transformando los "r" en sus correspondientes valores "Z" de Fisher.

$$Z \pm \frac{1}{N - 3}$$

siendo N = número de pares de valores.

Encontramos que todos nuestros resultados están dentro de los extremos de variación de cada valor de " Z ", tanto para el límite de confianza del 95% como del 99% (Cuadro n° 41).

Destacaremos que el coeficiente de correlación entre padres $r = 0,13$ no fué estadísticamente significativo, pero indica una ligerísima relación de parentesco remota entre los progenitores

		C_s (95%)
$N = 88$ pares	$N = 82$	0,28
	$N = 92$	0,27

A continuación se estimaron la significación de las diferencias para los distintos valores de " r ", con el fin de ver la posible existencia de algún efecto materno o paterno en la expresión de este caracter.

<u>Relación de parentesco</u>	<u>"r"</u>
Padres - hijos	0,4449
Padres- hijas	0,3486
Madres - hijas	0,4210
Madres - hijos	0,2070

CUADRO N° 41

CALCULO DE LAS CORRELACIONES ENTRE PROGENITORES Y DESCENDIENTES PARA LA CANTIDAD DE
PROTEINAS TOTALES EN CERUMEN HUMANO.-

Relación de parentesco	N° de pares	Coefficientes de co-relación	Límites de confianza 95%	Límites de confianza 99%
Padres - Hijos	98	$0,4449 \pm 0,0818$	0,291 ... 0,604	0,245 ... 0,653
Padres - Hijas	104	$0,3486 \pm 0,0861$	0,149 ... 0,500	0,149 ... 0,537
Madres - Hijos	105	$0,2070 \pm 0,0948$	0,000 ... 0,3800	0,050 ... 0,422
Madres - Hijas	106	$0,4210 \pm 0,0857$	0,197 ... 0,149	0,149 ... 0,572
V _m de los Padres - Hijos	95	$0,3465 \pm 0,0912$	0,291 ... 0,604	0,100 ... 0,537
V _m de los Padres - Hijas	92	$0,4372 \pm 0,0843$	0,291 ... 0,604	0,197 ... 0,635
V _m de los Padres - V _m Hijos	89	$0,5600 \pm 0,0731$	0,865 ... 0,434	0,930 ... 0,3697
Entre Padres (Ambos)	89	$0,1300 \pm 0,1053$	0,050 ... 0,336	0,149 ... 0,422

Como el número de pares de valores no fué muy elevado, para saber si los dos coeficientes de correlación eran o no significativos, fué necesario transformar los coeficientes de correlación en sus correspondientes "Z" de Fisher.

Se calculó la relación

$$\frac{z_1 - z_2}{s_{z_1 - z_2}} \leq 2$$

siendo $s_{z_1 - z_2}^2$ = la varianza de la diferencia $z_1 - z_2$.

Para un coeficiente de confianza del 95%. las cifras obtenidas fueron:

Padres - hijos

Madres - hijos

$$D = 1,03 < 2$$

$$D = 1,43 < 2$$

Padres - hijas

Madres - hijas

Esta ausencia de significación no implica necesariamente la ausencia de un efecto ligeramente asociado al sexo.

4. 6.2. Rectas de regresión

Las ecuaciones de las rectas de regresión vienen expresadas en las Figuras n° 24 a n° 28.

Figura nº 24.- Regresión de los valores de proteínas
totales para cerumen humano del valor
de los padres sobre los hijos (as).

hijos
g. de proteínas / g. de mu

padres - hijos (o)
padres - hijas (•)

$$y = 0.5642x + 0.0815$$

$$y = 0.3870x + 0.0865$$

padres
g. de proteínas / g. de muestra

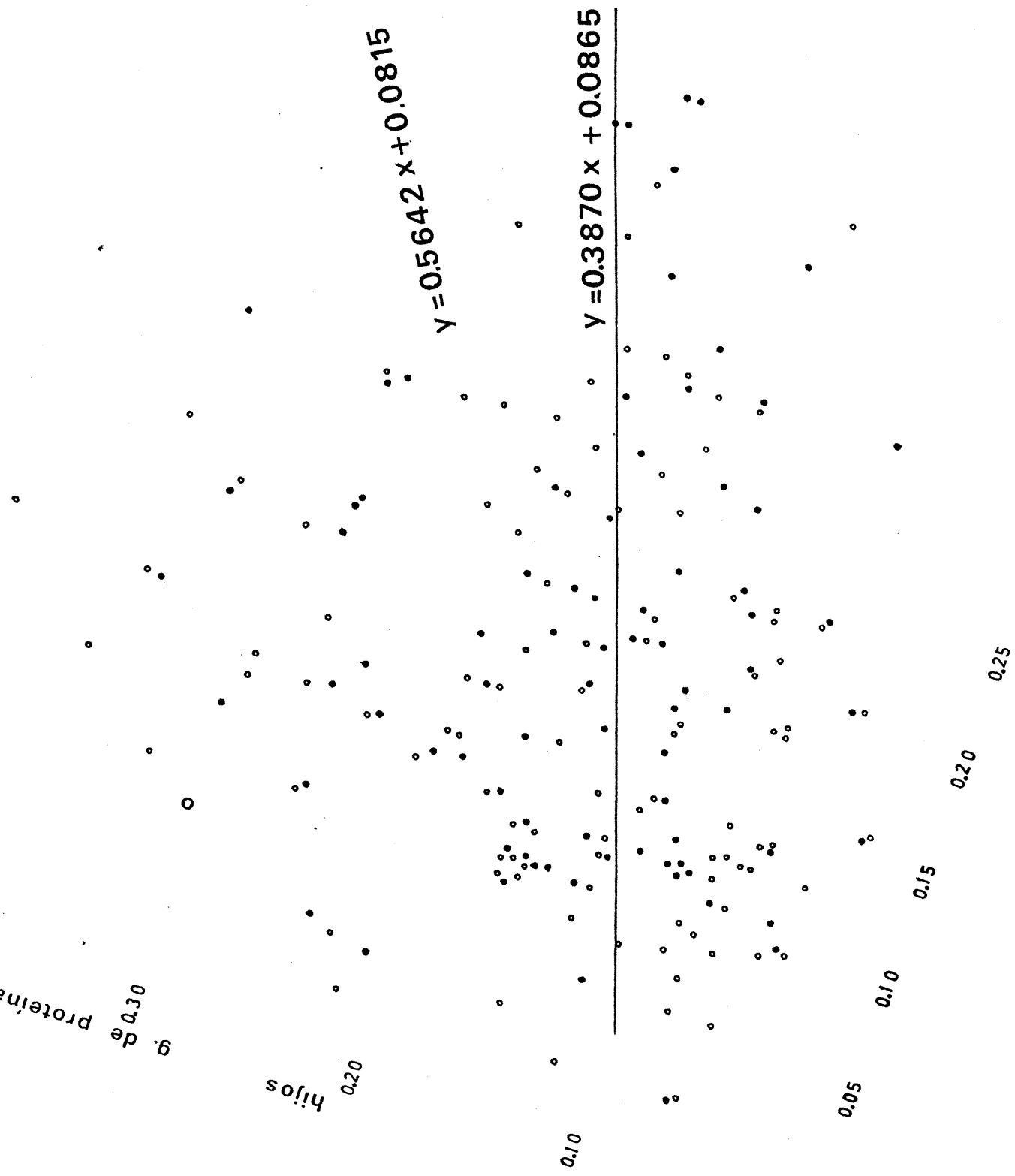


Figura n° 25.- Regresión de los valores de proteínas totales en cerumen de hijos e hijas sobre los valores de las madres.

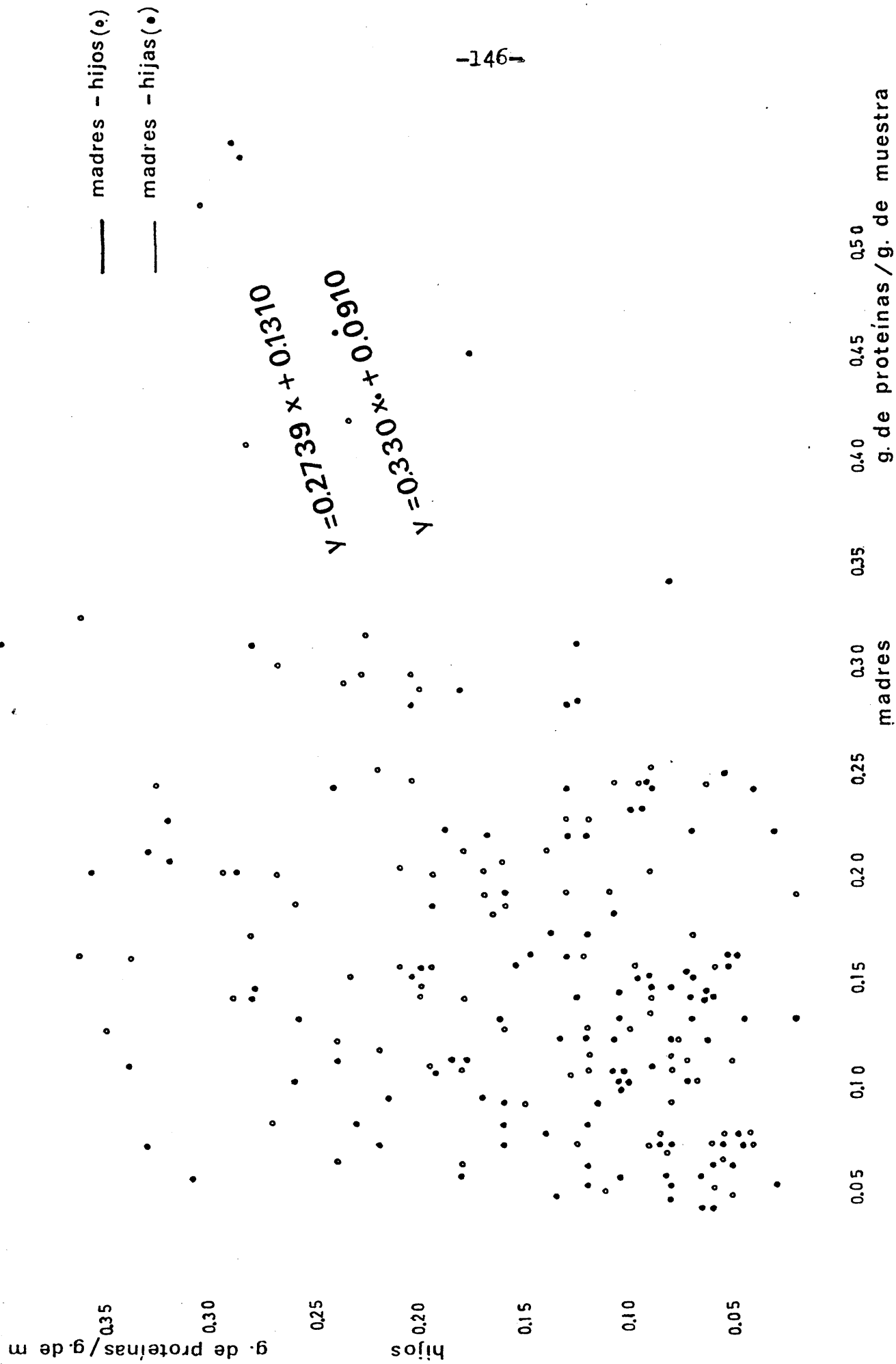


Figura n° 26.- Regresión de los valores de proteínas totales en cerumen de hijos e hijas sobre el valor de ambos padres.

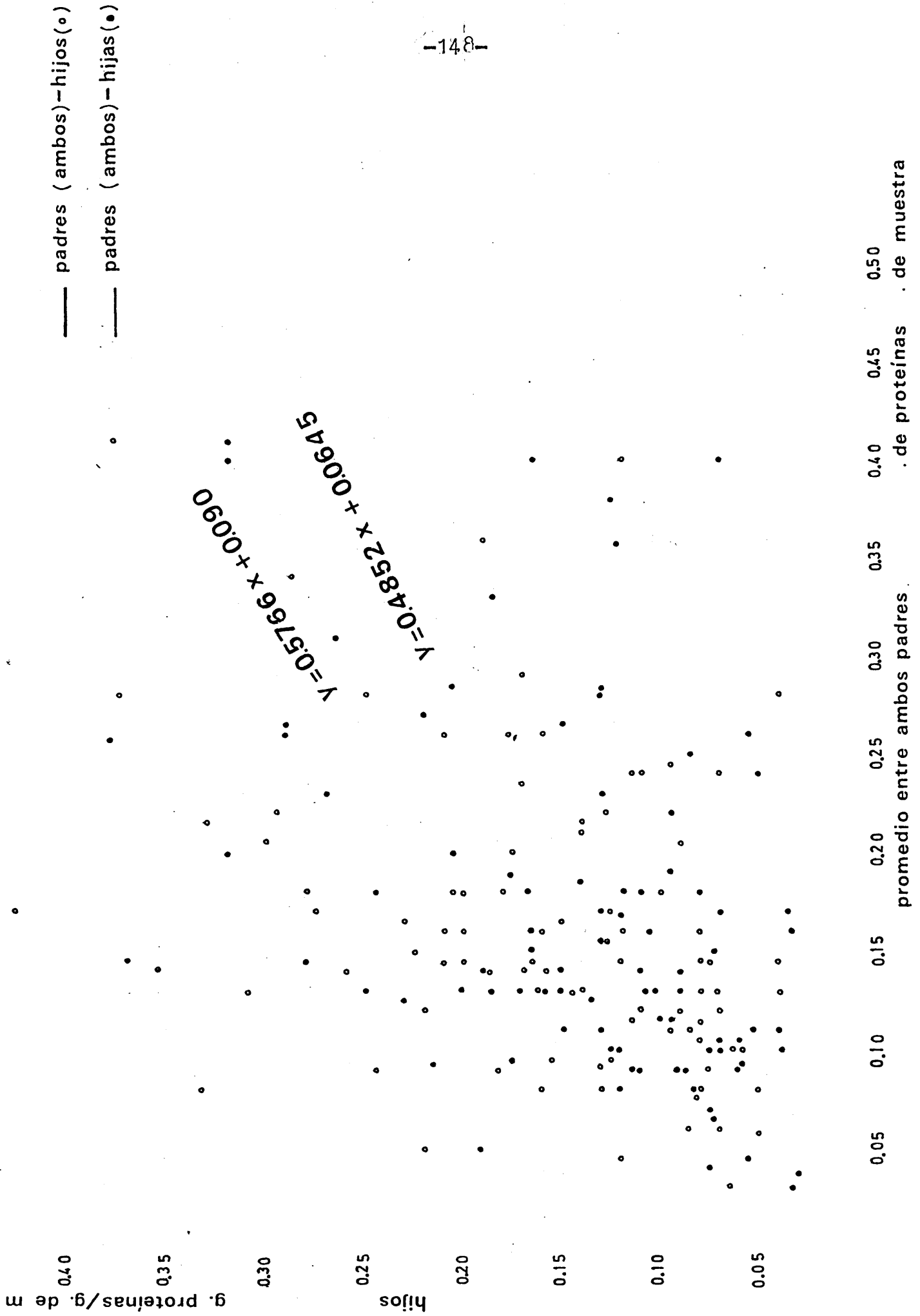


Figura n° 27.- Regresión de los valores de proteínas totales para cerumen humano del valor medio de todos los hijos sobre el promedio de ambos padres.

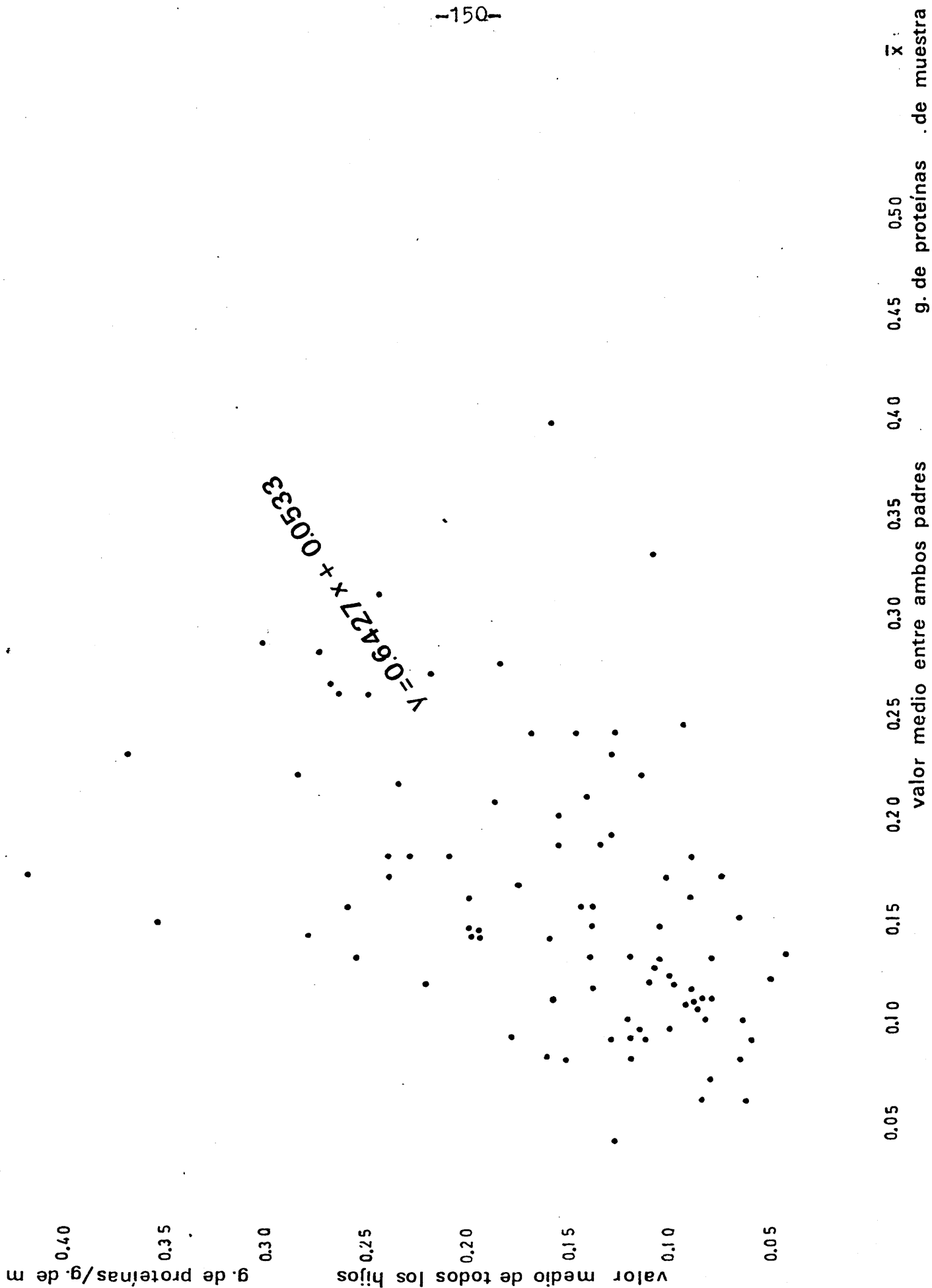
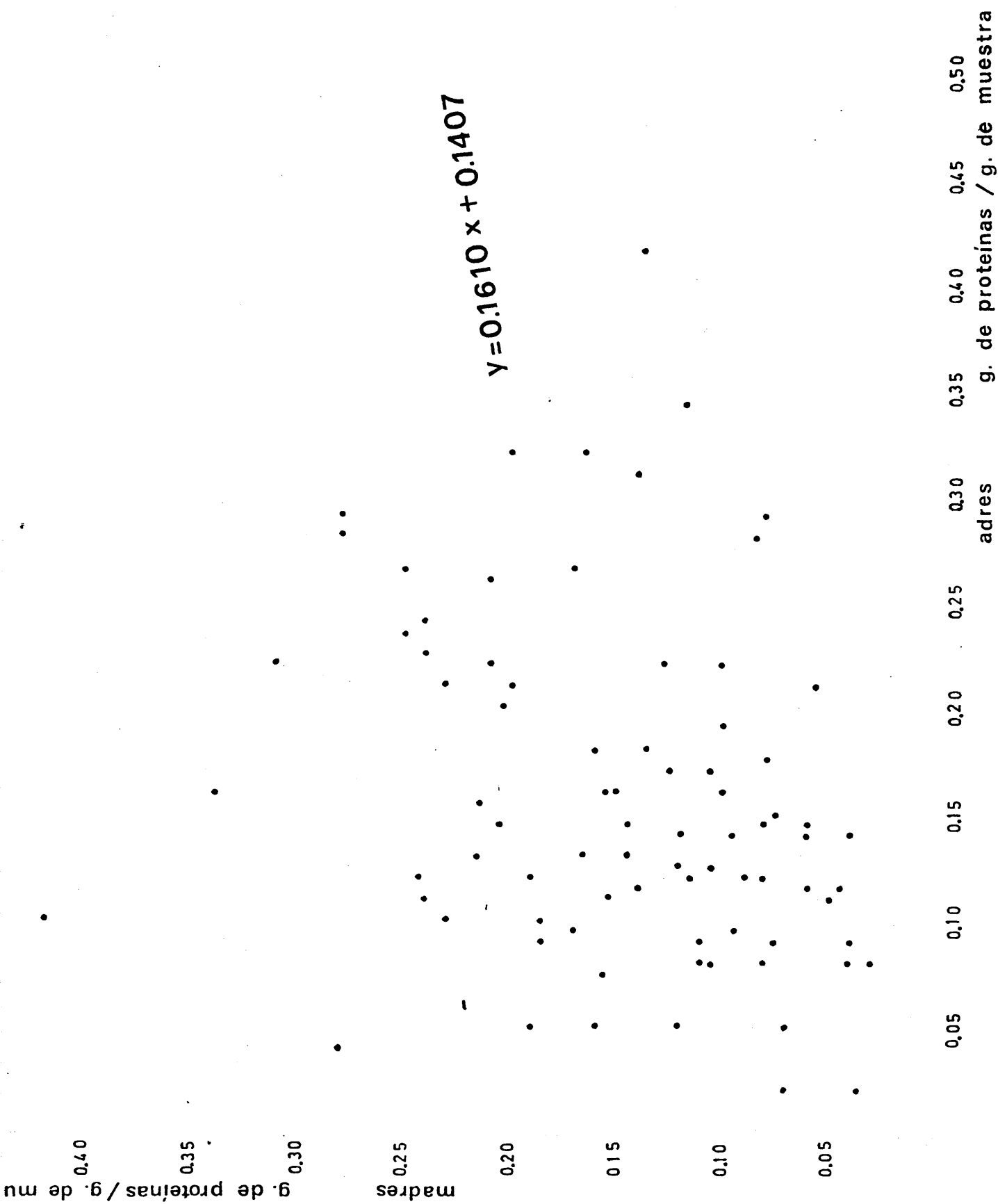


Figura n° 28.- Regresión de los valores de proteínas totales para cerumen entre ambos padres.



Sería preciso señalar que el coeficiente de regresión obtenido para la combinación "valor promedio entre los hijos (midparent value)", expresa el valor máximo respecto a todos los hallados por nosotros: $y = 0,6427 \pm 0,0533$ (Figura n° 27). Sin embargo, la correlación hallada para esta combinación $r = 0,56 \pm 0,031$, difiere del que teóricamente cabría esperar. Esto podría explicarse de la siguiente manera: 1) Si la correlación máxima teórica entre los valores medios de los hijos sobre el valor promedio de los padres (ambos) es 0,71; ésto sería aplicado en principio a caracteres no influenciados por el medio ambiente, tales como los dermatoglifos. Sin embargo, en aquellos en que la influencia ambiental es notable, como es el carácter que nos ocupa, el haber obtenido un coeficiente de correlación de 0,56, podría considerarse como aceptable por la causa anteriormente citada.

2) Dado que el número de pares de datos no es muy elevado, $N = 89$ es posible que al verse aumentada la muestra, este coeficiente de correlación podría aproximarse más al que teóricamente cabría esperar ($r = 0,71$).

4. 6.3. Estimación de la heredabilidad de la fracción proteica del cerumen humano. Cálculo de la varianza genotípica y ambiental.

Las propiedades que podemos observar en una población, como son las debidas a caracteres métricos, se pueden estimar mediante medias, varianzas y covarianzas. El análisis de familias en una población nos permite analizar la varianza en sus componentes,

$$V_P = V_G + V_E$$

de tal forma que es posible objetivar el grado de parecido entre parientes. Nuestro propósito es analizar cómo los caracteres métricos observables en una población son influidos no sólo por las propiedades de los genes responsables del carácter mismo, sino por factores no genéticos que pueden alterar directa o indirectamente el rasgo considerado.

Cuando se trabaja con parientes (padres - hijos, por ej.), para expresar el grado de parecido entre ellos no sólo se usa el coeficiente de correlación sino también el de regresión (b).

$$b_{\bar{O}P} = \frac{COV_{\bar{O}P}}{\sigma_P^2}$$

$COV_{\bar{O}P}$ = Covarianza de la progenie sobre el progenitor.

σ_P^2 = Varianza del progenitor.

El uso principal de las mediciones del grado de parecido entre parientes es que estima la cantidad proporcional de varianza genética aditiva, atribuida a los efectos medios de los genes. Por eso, el obtener la heredabilidad de un carácter cuantitativo es uno de los requisitos más fundamentales.

h^2 = heredabilidad (WRIGHT, 1.921)

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

Un significado equivalente a la heredabilidad lo tiene la regresión del valor reproductivo medio de los padres sobre la media de la progenie.

$$h^2 = b_{\bar{O}P}$$

La heredabilidad no es una propiedad del carácter únicamente sino que también lo es de la población.

ción y de las circunstancias ambientales a que estan sometidos los individuos. Si consideramos que la heredabilidad depende de los componentes de la varianza, un cambio en cualquiera de éstos la afectaría directamente.

Se estimó la heredabilidad para un componente del cerumen humano (proteínas totales), así como la varianza genotípica y ambiental. Para ello se hallaron las regresiones de la media de los hijos sobre el padre, y medias de los de las hijas sobre los valores de la madre, obteniéndose igualmente la desviación típica y el error de \underline{b} , así como el valor "r", para los dos casos en particular.

\bar{X} DE LOS HIJOS - PADRE.

$$N = 70 \quad \sigma = 0,1123 \quad \sigma_b^2 = 0,0126 \quad r = 0,5523$$
$$b_{\bar{O}P} = 0,6139$$

\bar{X} DE LAS HIJAS - MADRE.

$$N = 71 \quad \sigma = 0,3179 \quad \sigma_b^2 = 0,0093 \quad r = 0,3671$$
$$b_{\bar{O}M} = 0,3179$$

A continuación se estimó el grado de significación de los dos componentes de regresión, mediante una "t" de Student.

$$t = \frac{b_{\bar{0}P} - b_{\bar{0}M}}{V_{b_{\bar{0}P}} + V_{b_{\bar{0}M}}} = \frac{0,6139 - 0,3179}{0,0126 + 0,00938} = 1,997$$

siendo el valor obtenido próximo al límite de significación para 139 grados de libertad.

Dado que al realizar la estima de la heredabilidad por análisis de varianza nos resultaron valores un tanto dispares

$$h_{\bar{0}P}^2 = 0,37 \pm 0,3282$$

$$h_{\bar{0}M}^2 = 1,16 \pm 0,1798$$

quizás debido a un error de muestreo y que el número de pares de datos empleados no era muy alto, esto nos indujo a considerar conjuntamente ambos sexos, puesto que predecir que la cantidad de proteínas totales pudiera estar controlada por el sexo no sería estrictamente correcto.

Seguidamente se calculó la regresión de los valores medios de los hijos sobre los valores promedios de los padres " $b_{\bar{0}\bar{P}}$ "

$$b_{\bar{0}\bar{P}} = h^2$$

Se tiene que $b_{\bar{0}\bar{p}} = 0,64 \pm 0,10 = h^2$

La estima de la heredabilidad por análisis de varianza fué:

$$h^2 = 0,6712 \pm 0,151$$

Como quiera que el cerumen humano es un producto de secreción extrerna, el objetivar la varianza ambiental y genotípica sería de gran interés para poder justificar de alguna manera el valor de la heredabilidad.

Para ello se hallaron las varianzas fenotípicas de todos los padres y de los hijos:

Varianza fenotípica de los padres $V_{\bar{p}} = 0,0103$ $N=176$

Varianza fenotípica de los hijos $V_p = 0,0132$ $N=236$

estimando a continuación la desviación entre ellas, para ver si tales diferencias podían atribuirse simplemente a fluctuaciones aleatorias o si existían otras causas que pudieran justificar esta diferenciación. Dado que el número de datos superaban los 100 se empleó esta fórmula:

$$F_1^2 = \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2}$$

σ_1^2 = varianza fenotípica de los padres.

σ_2^2 = varianza fenotípica de los hijos.

$$F_{176}^{238} = \frac{\sigma_1^2}{\sigma_2^2} = \frac{0,0103}{0,0132} = 0,7803$$

$$v_1^2 = n_1 - 1 = 175$$

$$v_2^2 = n_2 - 1 = 235$$

Las tablas de Snedecor, indican que, tanto para los límites de confianza del 95% y 99%, el valor que les correspondería sería de 1. Se puede afirmar, en consecuencia, que la diferencia entre las dos varianzas no es estadísticamente significativa.

Por tanto, la varianza estimada de la población en general será:

$$\sigma_{P_T}^2 = \frac{n_1 \sigma_1^2 + n_2 \sigma_2^2}{n_1 + n_2 - 2} = \frac{176 (0,0103) + 236 (0,0132)}{176 + 236 - 2}$$

$$\sigma_{P_T}^2 = \text{varianza fenotípica total} \quad \sigma_{P_T}^2 = 0,0120$$

Sabiendo que $h^2 = \frac{V_A}{V_P}$, $V_A = h^2 V_P$, la varianza

aditiva resultaría

$$V_A = 0,6427 \cdot 0,0120 = 0,0077$$

y considerando que toda la V_G es V_A

$$V_P = V_G + V_E, \quad V_E = V_P - V_G = 0,0120 - 0,007 = \\ 0,0043.$$

Dado que el caracter estudiado, está influenciado por el medio ambiente, la varianza ambiental, como cabría esperar, es elevada pero inferior a la genotípica, puesto que $h^2 = 0,642 \pm 0,10$.

La varianza ambiental depende de muchos factores, tales como los nutricionales, climáticos, etc. por lo que todos aquellos caracteres sometidos a la acción del medio ambiente, verán reducida su heredabilidad mientras que los sometidas a condiciones uniformes la verán aumentada. Así pues, siempre que se dé un dato de heredabilidad de un carácter debe entenderse que se refiere a una población en particular que se desarrolla bajo un ambiente comparable y estable. Por eso, las determinaciones de heredabilidad para un mismo rasgo no tienen por qué ser los mismos, ya que puede estar sometido a una amplitud de variación considerable.

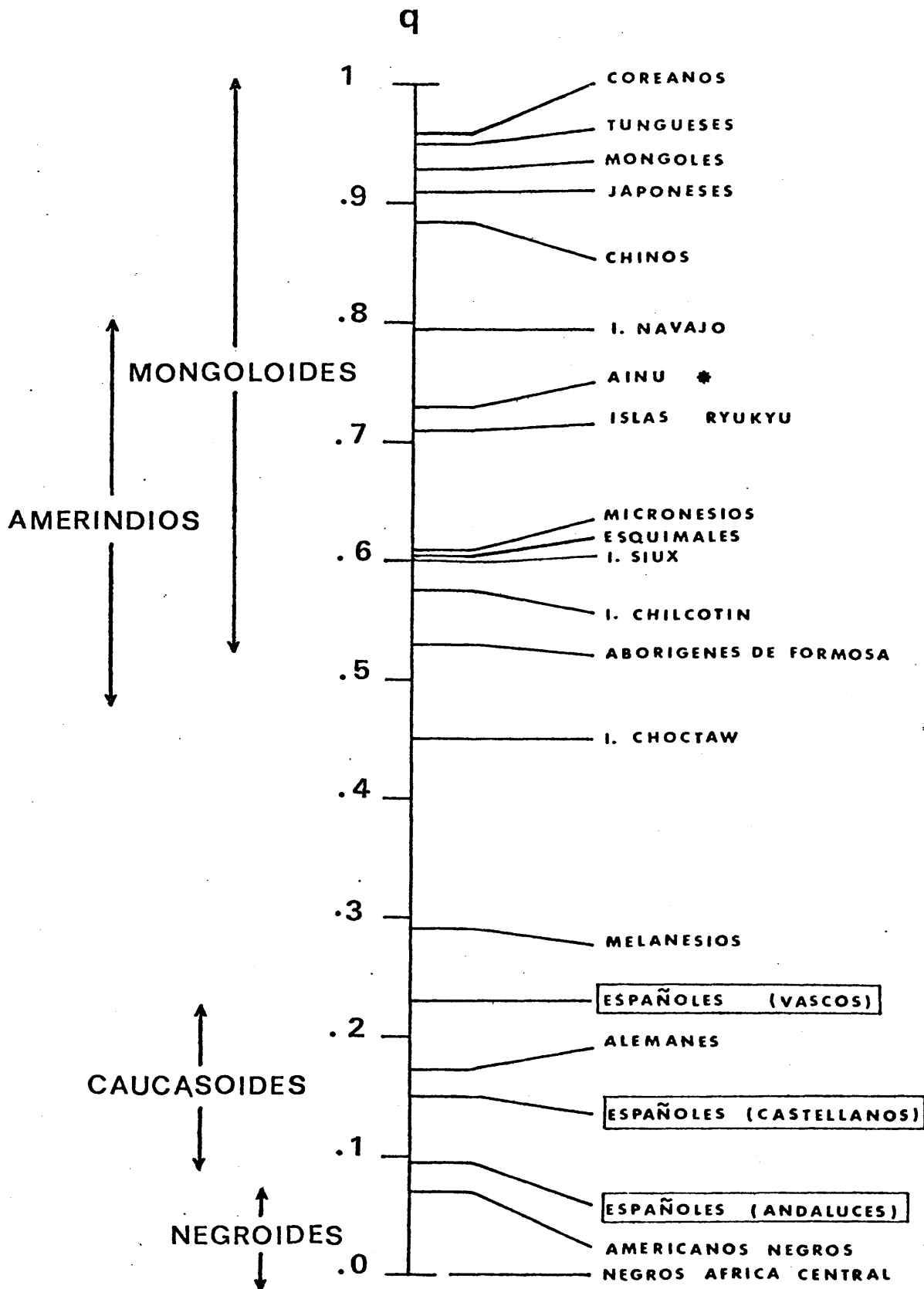
5. DISCUSION

Las grandes diferencias de frecuencias de una u otra forma de cerumen, en los diferentes troncos raciales (Figura nº 29), parece responder a un efecto de la selección natural. Esta habría ido fijando los distintos genotipos preferentemente según los distintos medios ambientes. Teoría de MATSUNAGA (1.954) que nos parece aceptable en principio.

Dado que entre las muestras de población española existe también diferencias en cuando a la incidencia de una u otra forma de cerumen, a veces significativa, sus posibles causas serían:

- a).- La ubicación de la población vasca en un ambiente climático que favorecería la adaptación preferencial del fenotipo "SS".
- b).- La pertenencia del pueblo vasco, a un tipo raciológico (Pirenaico-Occidental) distinto al de castellanos y andaluces (Mediterráneo grácil).

Para estudiar ambas alternativas, se podría analizar la distribución de frecuencias fenotípicas del cerumen en todo el Norte de España para ver si realmente, en los vascos, los altos valores de fenotipo seco se explicarían por factores tipológicos o bien por estar localizados en el Norte de la Península Ibérica.



* POBLACION MESTIZADA CON MONGOLOIDES

OMOTO (1,970)

Figura n° 29.- Distribución del alelo "S" en diferentes grupos raciales.

a) Influencia ambiental

La influencia ambiental sobre la manifestación de un determinado carácter depende en parte de éste y en parte del individuo de que se trate. La diversidad de medios ambientes en el área de distribución de un carácter puede conducir a una variación en las fuerzas selectivas. Es de esperar, por tanto, que los genotipos seleccionados en cada población difieran de un punto a otro de su área de distribución. El cerumen humano está sometido en gran parte a la acción de factores ambientales, siendo los más importantes los nutricionales y los climáticos.

Las diferencias entre las muestras de población española estudiadas ¿se deberán a factores climáticos?

Ciertamente, las temperaturas medias anuales en las tres regiones son bastante semejantes pero es Andalucía la que más difiere de las provincias vascas, algo más que Madrid, como se observa en los siguientes datos:

OBSERVATORIO	Temperaturas medias anuales
San Sebastian (Igueldb).....	16,7°C
Vizcaya	13,6°C
Madrid	13,8°C
Sevilla (Tablada)	19,8°C

A la vista de estas cifras se podría esperar que la temperatura, junto con la humedad tuviera una relación directa en la mayor incidencia de cerumen húmedo. Sin embargo, nuestros valores porcentuales no coinciden con los de GILES y MC' LOUH (1.970), ya que en Andalucía, donde el medio ambiente es más seco, la frecuencia de cerumen húmedo es mayor que en la población vasca.

Por tanto lo que sería necesario estudiar es la naturaleza de la influencia que el medio externo pudiera tener en la manifestación del fenotipo en ambientes diferentes. Al tratar con muestras de cerumen pertenecientes a individuos de distinto grupo racial y ubicados en zonas cuyas constantes climáticas y condiciones nutricionales son diferentes, dicha manifestación puede ser distinta y afectaría tanto al fenotipo húmedo y seco como a la composición de dicha secreción.

b) Influencia raciológica

El papel de las diferencias fenotípicas de origen raciológico, puede ser tan importante como el ambiental. El alto porcentaje de cerumen seco en la muestra vasca, estadísticamente significativa con respecto a la andaluza, pudiera deberse

al tipo racial vasco diferente del de castellanos y andaluces.

El origen racial del pueblo vasco no está aún bien esclarecido, aunque existen varias hipótesis acerca de su procedencia. Una de las primeras es la de COLLINGNON (1.895), quien argumentaba que los vascos constituyen una raza bien diferenciada, único vestigio actual de una población muy antigua, ubicada en Europa occidental en la época prehistórica. Sin embargo, para ARANZADI (1.905), el pueblo vasco a pesar de sus características particulares, no representa sino un tipo local, no diferenciándose en absoluto del resto de los tipos europeos. Más recientemente (PAULETTE MARQUER, 1.963) observa una gran variabilidad dentro del pueblo vasco sin que sea necesario recurrir a una dualidad racial primitiva, pero lo que sí hace destacar es la existencia de un número muy elevado de atlanto-mediterráneos, con un porcentaje muy pequeño de ibero-insulares y alpinos. La diversidad de los caracteres antropológicos en cada provincia vasca, es el producto de sucesivos cruzamientos que ha habido entre ellos dando lugar todo esto a un tipo local, denominado

"Pirenaico Occidental", por los antropólogos españoles, y "Vascos" propiamente dichos por los franceses. Por consiguiente, toda esta variedad regional, cuyos caracteres antropológicos no son tan radicalmente distintos al resto de la población española, se excluiría la posibilidad de asignar al vasco el rango de verdadera raza.

No obstante, el cerumen humano se añadiría a los que contribuyen (grupos sanguíneos, p.e.) a asignar a los vascos un tipo racial (Pirenaico Occidental) distinto al tipo Mediterráneo grácil de castellanos y andaluces,

El haber encontrado una variabilidad en los niveles de significación para los valores de lípidos y proteínas totales según los sexos en las diferentes muestras de población española, lo lógico hubiera sido proceder de igual manera, esto es, estudiar la variación según la edad y el sexo dentro de cada una de ellas. Dado que el número de datos correspondiente a los grupos de edades era bastante pequeño cuando se consideraba cada población por separado, se decidió agruparlas.

Hay que señalar que las muestras de cerumen

extraídas lo fueron al azar, por lo que al valorarlas, nos podíamos haber encontrado con:

- 1°.- La presencia de elementos extraños que hubieran podido enmascarar los datos.
- 2°.- Que el contenido lipídico en muestras de cerumen fuese inferior al obtenido en cerumen fresco. Dicho aspecto fué ya observado por CHIANG, LOWRY y SENTURIA (1.956).

Los niveles de lípidos en el cerumen para cualquier edad considerada, son siempre superiores en el varón que en la mujer (Figura n° 20 a). Esto podría ser consecuencia de un mayor número, desarrollo y actividad de las glándulas implicadas en dicha secreción, lo que explicaría nuestros resultados.

Otro argumento utilizado es la dependencia tan estrecha que existe entre determinadas glándulas corporales con cierto grupo de hormonas; tal es el caso de las sebáceas, cuyo tamaño y maduración están reguladas por la acción de los andrógenos, (HAMILTON, 1.941; ROMY y ZAKON, 1.943; ULLOUGH y LAURENCE, 1.960; STRAUSS y col. 1.962; TAKAYASI y ADACHI, 1.970).

Además, el haber obtenido diferencias sig

nificativas entre algunos grupos de edad, correspondientes a varones y mujeres, en el contenido de lípidos totales (Cuadro nº 20) podría ser la causa de la variabilidad en los niveles de significación. La no aparición de dimorfismo sexual en la muestra vasca y la obtención de unos niveles próximos al 5% en castellanos y andaluces, sería respuesta a la variación de los valores de lípidos totales con la edad y sexo en la población general (Cuadro nº 20).

Por el momento no se puede dar una interpretación adecuada a la variabilidad del contenido proteico con la edad a no ser que nos apoyáramos en causas fisiológicas generales. Se desconoce la naturaleza de algunas de las proteínas presentes en el líquido ceruminoso, y en la secreción sebácea, aunque en esta última se han identificado algunas.

Las diferencias en contenido proteico para varones y mujeres fueron casi nulas en vascos y significativas en castellanos. Pero si nos basamos en el valor obtenido de "t" cuando se compararon los dos sexos, correspondiente a la población general (Cuadro nº 9), se observa que no se llegó

a un valor estadísticamente significativo ($t = 2, 16 \pm 0, 0077$. G.L. 781, $0,3 > P > 0,2$).

Sería necesario para confirmar esta ausencia de dimorfismo sexual acudir a las pruebas estadísticas realizadas entre grupos de edad, pertenecientes a varones y mujeres (Cuadro nº 19). No se obtuvieron diferencias significativas, excepto en las edades 9-10-11 ($t = 3,17$).

No obstante, sería deseable en el futuro aumentar el tamaño de la muestra para corroborar esta posible ausencia de dimorfismo.

En el Cuadro nº 42 se observan los datos obtenidos por CHIANG, LOWRY y SENTURIA (1.955). La variabilidad de la fracción lipídica y proteica según la edad y el sexo, parece ajustarse a la obtenida por nosotros en la población española. De todas maneras, la comparación sería un poco relativa ya que el número de muestras empleadas por dichos autores es bastante escaso.

Hasta el momento todos los trabajos aparecidos acerca de la herencia del cerumen humano parecen coincidir en que responde a un locus dialélico, de cuya combinación aparecerían tres genotipos posibles HH H \S y SS.

CUADRO N° 42

CONTENIDO LIPIDICO Y PROTEICO EN CERUMEN NORMAL (SENTURIA Y col. 1955).

Edad	Sexo	N	Lípidos %	E.S.	Proteínas %	E.S.	No lipídica no proteica %
1-7	V	13	50,4	4,4	21,0	2,3	28,6
	M	12	59,7	6,0	17,2	0,9	23,1
8-13	V	6	62,2	11,6	16,6	3,3	21,2
	M	7	71,1	8,3	10,0	2,6	19,0
14-25	V	7	53,3	5,5	21,2	2,8	25,5
	M	13	47,9	12,1	22,7	1,7	29,4
26-40	V	10	49,8	3,5	22,2	2,1	28,0
	M	10	52,1	11,3	24,8	8,4	23,1
41-60	V	16	42,7	2,5	23,8	2,0	23,4
	M	8	46,9	6,5	26,4	4,8	28,7
60-X	V	7	49,6	2,9	25,2	2,2	25,2
	M	11	52,1	3,4	23,7	1,5	24,2

En este trabajo, utilizando genealogías y fratrias para el diagnóstico de la herencia, se llega a la misma conclusión a través de modelos teóricos. Si volviéramos a las distribuciones de los valores fenotípicos correspondientes a lípidos y proteínas totales, se observaría una clara discontinuidad entre cerumen húmedo y seco. Sin embargo existe una zona de solapamiento entre ambas distribuciones. Esta zona de transgresión de un fenotipo a otro, podría corresponder, si es que se trata de un carácter con dominancia completa, a los individuos heterocigotos (HS).

La distribución obtenida para valores de lípidos y proteínas en cerumen húmedo, se ajusta a una distribución normal. Lo deseable, sería encontrar y analizar un número elevado de fenotipos secos, para esas dos variables, con el fin de objetivar la distribución seguida por sus valores. Con ello podrían obtenerse las siguientes conclusiones:

1°.- A pesar de la elevada frecuencia de fenotipos secos analizados, la distribución discontinua seguiría apareciendo, lo que confirmaría el tipo de herencia monómera autosómica.

2°.- Al aumentar la muestra, los valores fenotípicos correspondientes se solaparían de tal manera que se obtendría una clara distribución continua, con lo cual quedaría descartado el concepto de polimorfismo que se tiene para el cerumen humano.

No obstante por el momento y a la espera de nuevas aportaciones al problema, sólo podemos concluir que la herencia del cerumen humano parece deberse a un locus con dos alelos H y S responsables de la existencia de los dos fenotipos húmedo y seco.

Las correlaciones halladas entre padres hijos, para el contenido proteico total fueron positivas y significativas.

Fundándonos en las distribuciones normales obtenidas para este caracter y a la vista de nuestros resultados cabe pensar, que el contenido en proteínas del cerumen humano es hereditario, pareciendo estar implicados en dicho mecanismo varios loci con efecto aditivo, dadas las características de las regresiones y coeficientes de correlación.

Todos estos resultados, no han podido ser comparados con los de ningún otro autor, debido a que son los primeros datos que se conocen acerca del mecanismo hereditario que rige los componentes bioquímicos del cerumen humano.

6. RESUMEN Y CONCLUSIONES

El presente trabajo consiste en un estudio de la antropogenética del cerumen humano en tres muestras de población española. Para ello se eligieron tres regiones claramente definidas tanto geográficamente como tipológicamente.

El número de personas examinadas fué un total de 1.153.

Dentro de cada población se separaron varones y mujeres con el fin de estimar la posible aparición de dimorfismo sexual respecto de los dos fenotipos considerados: húmedo y seco. A continuación se valoró el contenido en lípidos y proteínas totales de cada muestra en particular, hallándose posteriormente los parámetros estadísticos de variación mas fundamentales: media (\bar{X}), desviación típica (σ), coeficiente de variación (V), acompañados de sus respectivos errores.

Para determinar el carácter secretor así como la herencia del tipo de cerumen se analizó un total de 179 personas para el primero, y 115 familias con 301 hijos para el segundo.

Las conclusiones generales que hemos obtenido para el carácter antropológico que nos ocupa fueron las siguientes:

- 1°.- Las frecuencias de cerumen húmedo y seco obtenidas en la población española son concordantes con las de otros grupos Caucasoides,
- 2°.- Dentro de la población española analizada, los vascos, son los que presentan mayor frecuencia de cerumen seco.
- 3°.- Existen diferencias en cuanto a la distribución de las dos formas de cerumen entre la población vasca y andaluza.
- 4°.- Las posibles causas en la variación de las frecuencias alélicas en la población española parecen ser ambientales o raciológicas.
- 5°.- Se observa en España, una distribución clinal para el alelo "S" de Norte a Sur
- 6°.- Existe una clara diferenciación en las distribuciones de los valores lipídicos y proteícos para los dos fenotipos considerados: húmedo y seco.
- 7°.- Las distribuciones de los valores de proteínas y lípidos totales expresan una variación continua, si bien cabe destacar que el polígono de variación obtenido para el contenido proteico expresa una ligera asimetría en sentido positivo.

- 8°.- El valor medio para el contenido lipídico es siempre superior en cerumen húmedo que en seco.
- 9°.- El contenido proteico en general, es superior en el fenotipo seco.
- 10°.- Existen una variabilidad respecto a la fracción proteica y lipídica según la edad y el sexo.
- 11°.- En el cerumen humano se pueden distinguir los tipos secretor y no secretor ABH.
- 12°.- La aparición del caracter secretor en el cerumen, se demuestra por la presencia de sustancias de especificidad grupal ABH, aunque en niveles muy bajos.
- 13°.- El caracter no secretor del cerumen, se observó por la aparición de aglutinaciones notales.
- 14°.- En cualquiera de los tres tipos de cruzamientos fenotípicos H- x H-, H- x SS, SS x H-, la aparición de cerumen húmedo es notablemente más elevada que la de seco.
- 15°.- La presencia de uno u otro fenotipo no se ve influido ni por el sexo ni por la edad.
- 16°.- Se puede decir en general que cuando un hijo posee cerumen humedo uno de los padres lo tiene igualmente.

- 17°.- Del cruzamiento seco por seco, en la descendencia no aparece ningún hijo con cerumen húmedo.
- 18°.- Se comprueba la existencia de un locus dialélico capaz de controlar la herencia del mencionado caracter. Uno de los alelos, el dominante, determinna el cerumen húmedo y el recesivo, cerumen seco.
- 19°.- La hipótesis de herencia monómera del cerumen humano se ha comprobado utilizando tres modelos teóricos: Penrose, Fisher y Snyder.
- 20°.- El cálculo de la heredabilidad para el componente proteico de dicha secreción resultó tener un valor de $h^2 = 0,64 \pm 0,10$.
- 21°.- La varianza genética obtenida fué superior a la ambiental, y los valores fueron respectivamente:
- $$V_G = 0,0077 \qquad V_E = 0,0043$$
- 22°.- La existencia de un locus autosómico dialélico que controla la aparición de los fenotipos húmedo y seco, y la distribución continua de los contenidos en proteínas y lípidos, pueden relacionar se admitiendo la existencia de genes modificadores. Sin embargo no se excluye la posibilidad de otros tipos de relaciones.

7. BIBLIOGRAFIA

- ALFRED, B. M., SOUT, T.D. (1.970). Blood groups phosphoglucomutase and cerumen types of the Anahan Chilcotin Indians. Amer. J. Phys. Antropol. 32/3, 329-337.
- AKOBIANOFF, L., CARRUTHERS, C. (1.954). The chemistry of cerumen a preliminary report. Journal Investigation Dermatol, 23, 43-50.
- ARANZADI (1.905). Existe una raza euskera? Sus caracteres antropológicos. Imprenta de la provincia de San Sebastián. págs. 45.
- BAUER, W. C., CARRUTHERS, C. (1.953). The free amino acid content of cerumen. Journal Investigation Dermatol. 21, 105-110.
- BULLOUGH, W.S., LAURENCE, B.E. (1.960). Experimental sebaceous gland suppression in the adult male mouse. J. Inv. Dermatol., 35, 37-42.
- BRAXTON, M.A., STONT, D.T., BIRBENCK, J., LEE, M., PETRAKIS, L. N. (1.969). Blood groups red cell enzymes and cerumen types on the Ahousat (Nootka) , indians. Nature 31, 391-398.
- BRESSE, G. (1.968). Morphologie et physiologie. Editorial LARROUSSE.
- CYRY, CLARKE, A. (1.970). Human genetics and medicine.
- COLLIGNON (1.895). Anthropologie du Sud-Ouest de la France. I. Les Basques. Mem. de la Soc. d'Anthropologie de Paris, 1, 1-64.

CHIANG, S.P., LOWRY, O.H. y SENTURIA (1.955).

Microchemical studies on normal cerumen.

The lipid and protein content of normal cerumen as affected by age and sex. Laringocopa 65, 927.

CHIANG, S.P., LOWRY, O.H. (1.957). Microchemical studies on normal cerumen. The percentage of lipid and protein in casual and fresh cerumen 28, 63-68.

DIER, K.F. (1.974). The biology of racial integration Bristol. Scientechinica L.T.D.

FALCONER, D.S. (1.971). Introducción a la genética cuantitativa. Ed. Continental.

FISHER, R.A. (1.930). The generical theory of natural selection. Oxford, Univer. Press.

FORD, E.B. (1.940). Polimorphism and taxonomy. Oxford, Univer. Press.

GRIMAUD, MAYOFF (1.965). Affections acquises de l'oreille externe. Enciclopedia Médico Quirúrgica.

HAYASHI, N. (1.958). Studies on the cerumen. Ochanomizu Medic. Journal 6, 796.

HAYASHI, N. (1.958). Distribution and inheritance of inheritance of the ear was type. Blood group substances in human ear-was. Ochano-

- mizu Medic. Journal 6, 769-786.
- HAMILTON. J.B. (1.941). Male hormone substance: a
prima factor in acnē. J. Chin. Endocr.
1: 570-592.
- HOLT, S.B. (1.961). Quantitative genetics of fin-
ger prints patterns. Brithis Med. Bull.
17, 247.
- IVERSEN, K., VIDEVACE, A. (1.953). Casual skin li-
pid levels in individual of various ages.
Jour. Gerontol. 8, 312-317.
- JORGE, F.B., CINTRA ULHOA (1.964). La chimie du
cerumen: cendre, substances volatiles, so-
dium, potasium, calcium, magnesium, phos-
phore et cuivre. Ann. of Otol. Rhin. Laryng.
73/4, 218-222.
- KALMUS, H., GARAY, A.L. y col. (1.964). The frecuen-
cy of PTC, tasting hard ear-wax, colour
blindness and other genetical characters in
urbans and rural mexican populations. Hum.
Biol. 36, 134.
- KATAURA, A., KATAURA, K. (1.967). The comparison of
free and bound aminoacids between dry and
wet types of cerumen. TOHUKU. J. Exp. Med.
91, 215-225.

- KATAURA, A., KATAURA, K. (1.968). Comparison of dry and wet types of cerumen and its significance. 64/3, 134-135.
- LOWRY, O. H., ROSEBROUGH, M.J., FARR, A.L., RANDALL, R.J. (1.951). Protein measurement with the foling reagent. Jour. Biol. Chem. 193, 265.
- LI, A.P. (1.967). Segregation analysis. Amer. Jour. Hum. Gen. 19, 213-321.
- MCKUSICK. A. (1.969). Human genetic. Foundation of modern genetic series.
- MANDOUR, M.A., EL-GHAZZAWI, E.F., TOPPOZADA, H.H., MALATY, H.A. (1.9). Histological and histochemical study of the actividy of ceruminous glands in normal and excesive acumulation.
- MARTIN, L.M., JACKSON, J.F. (1.969). Cerumen types in Choctaws Indians. Science 163, 677-678.
- MARQUER, P. (1.963). Contribution a l'étude anthropologique du peuple basque et au probleme de ses origins raciales. Bull. Societé Ant. de Paris, 14, 1-240.
- MATSUNAGA, E., ITOH, S., SUZUKI, T. y SUGIMA (1.954). Incidence and inheritance of the ear-wax types. Sapporo Med. Jour. 6, 368-371.

- MATSUNAGA, E. y MIYAHARA (1.966). Association of ear-wax types with susceptibility to arterosclerosis. A preliminary report. Ann. Rep. National Institute of Genetics. Japan 17, 127-129.
- MATSUNAGA, E. (1.969). Variedades de cerumen y su significado biológico.
- NEEL y SCHULL (1.954). Human heredity. Chicago. Uni.
- OMOTO, K. (1.968). Studies in PTC., taste sensitivity. Cerumen types and some other genetical traits in Amami, Oshima, Sothern Japan. Journ. of the Faculty of Science, Univ. of Tokio 3/3, 177-198.
- OMOTO, K. (1.970). The distribution of polimorphic traits in the Hidaka Ainu. Jour. of the Faculty of Science. Univ. Tokio 3/5, 337-335.
- MONTAGNA, W. y PARACHAL (1.974). The structure and function of skin. Academic Press, New York.
- MORITA, G. (1.947). On the inheritance of wet cerumen among japonese. Juzenkai-Zasshi. 50 54.
- NICOLAIDES, N., y ROTHMAN (1.953). Studies on chemical composition of human hair fat. II The overall composition with regard to age, sex and race. Jour. Invest. Dermat. 21, 9-14.

- OMOTO, K. (1.973). Polimorphic traits in peoples of Eastern Asia and the Pacific. Israel Journ. Med. Science 9/9-10, 1195-1215.
- PATEL, S. (1.973). Study of some genetics traits of Tibetans and Chandriguis. District Gampan. Orissa. Amer. Jour. Phys. Antr. 38/3, 755-756.
- PAWSON, S., MILAN, F.A., HOOPER, G.W. (1.974). Cerumen types in two Esquimp communities. Amer. Jour. Phys. Antr. 41/3, 1431-1432.
- PARSONS, P.A. (1.967). The genetic analysis of behaviour. Rethuen and Co. Ltd.
- PETRAKIS, M.L., MOLOHON, K.T., TEPPER, D.J. (1.967) Cerumen in Americans Indians, genetics implications of sticky and dry types. Science 158, 1192-1193.
- PETRAKIS, M.L. (1.969). Dry cerumen: a prevalent genetic trait among American Indians. Nature 222, 1080-1081.
- PETRAKIS, M.L. (1.971). Demostration and implications of lisozyme and immunoglobulins in human ear-wax. Nature (london). 229/5280, 119-120.
- PETRAKIS, M.L., PINGLE, H. (1.971). Evidence for genetic cline in ear-wax types in the middle east and southeast Asia. Amer. Jour. Phys. Anthr. 31, 141-144.
- PONS, J. (1.960). La capacidad gustativa para la

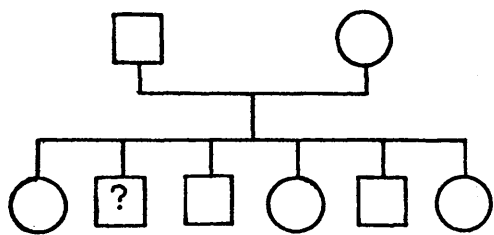
- PTC en una serie de 181 pares de hermanos. Confirmación de la hipótesis de herencia monómera autosómica. Genética Ibérica (C.S.I.C.) VII, 173-186.
- POIRIER y CHEVREAU (1.970). Cuadernos de Histología Humana.
- ROBERTS, J.A.F. (19). Multifactorial inheritance and human disease. Progress in medical genetics. 3, 178-216.
- RORMY, H.R. y col. (1.943). Effect of androgen on the sebaceous glands. Exp, Cell. Res. 13 517-520.
- SCHAFFER, E., SCHUMFELD, K. (1.958). Etudes experimentales sur le probleme des proprietes bacterio-fongostagnes du cerumen. Ar. Ohr. Mas. 172/5, 419-426.
- STRAUSS, J. S. y col. (1.962). The effect of androgens and strogens on human sebaceous glands. Jour. Inves. Derm. 39, 139-155.
- SENTURIA BEN, H., (1.957) Les maladies de l'oreille externe. Thomas Edit. Spaingfield, Ill.
- TAKAYASU, S., ADACHI, K. (1.970). Hormonal control of metabolism in hamster cortovertebred glands. Journ. Invest. Relim. 55, 13-19.

UEDA, S., KATAURA, A., MATSUNAGA, E. (1962). Studies
on the composition of cerumen normal
human Preliminary studies on solvent
fractionation of dry and wet cerumen.
A. Sapporo Ifiaku Ziassh, 22: 1-4.

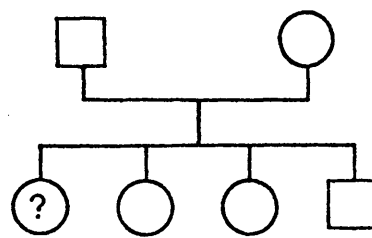
Relación de genealogías utilizadas para
el diagnóstico de la herencia del cerumen:

- ☐ varón portador de cerumen húmedo.
- ☐ mujer " " " "
- ☒ varón " " " seco.
- ☒ mujer " " " "
- ☐ ☐ fenotipo desconocido.

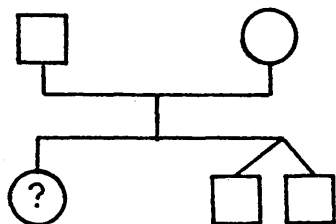
F-1



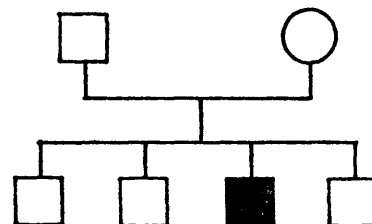
F-2



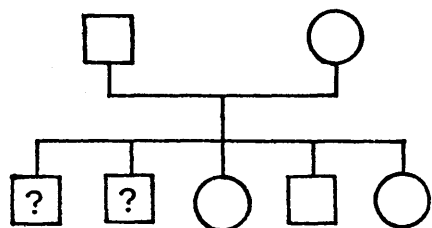
F-3



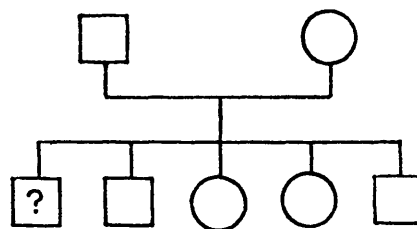
F-4



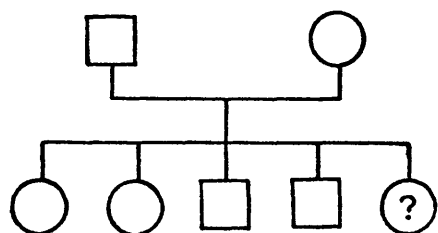
F-5



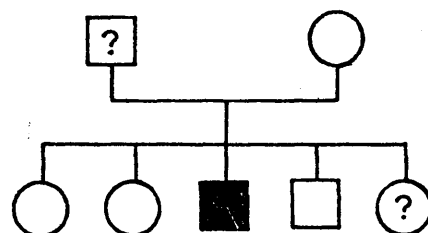
F-6



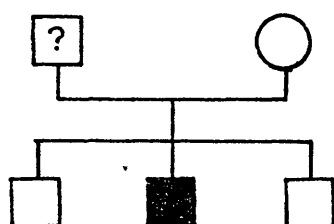
F-7



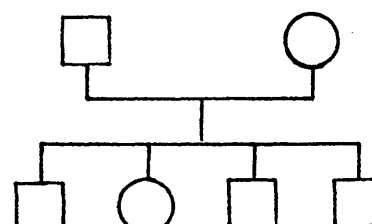
F-8



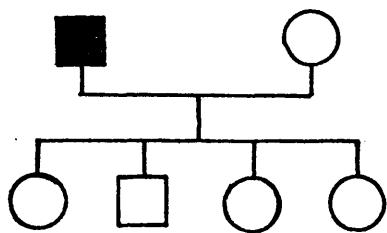
F-9



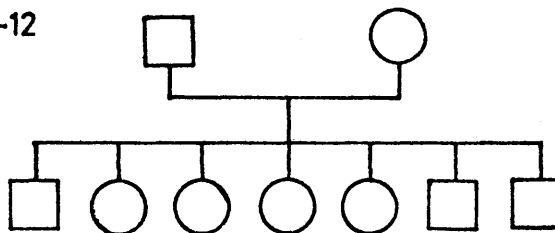
F-10



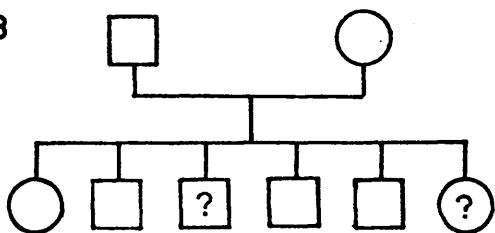
F- 11



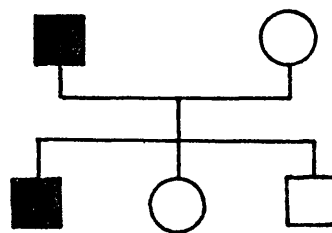
F-12



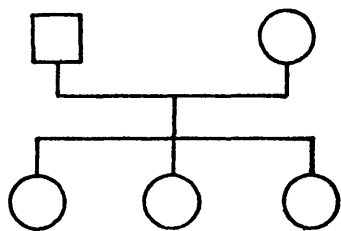
F- 13



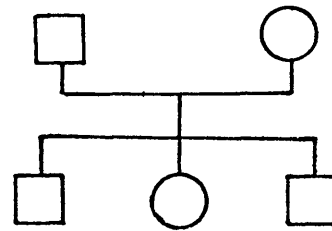
F-14



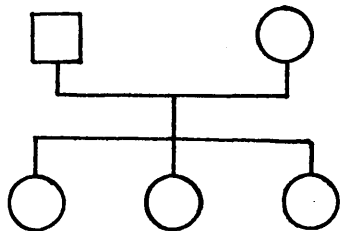
F- 15



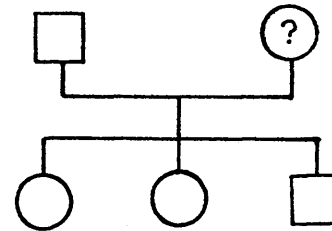
F-16



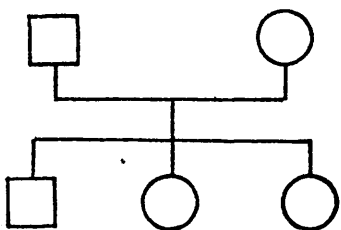
F- 17



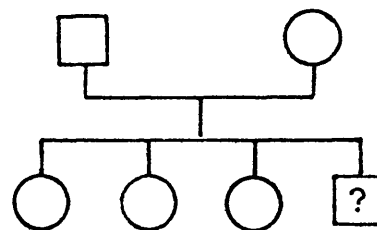
F-18



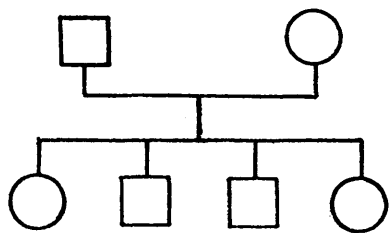
F- 19



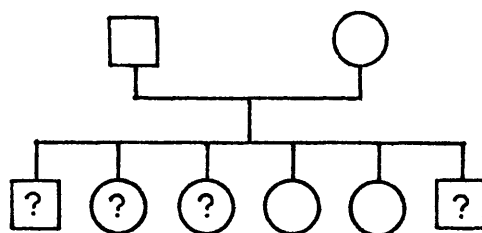
F-20



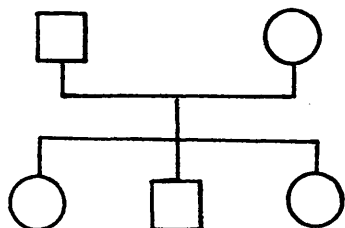
F - 21



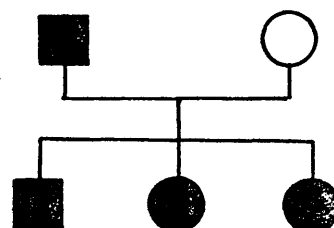
F - 22



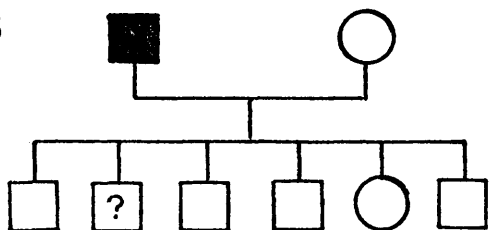
F - 23



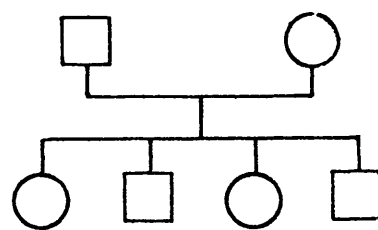
F - 24



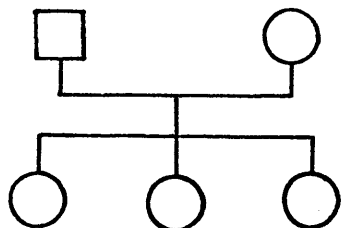
F - 25



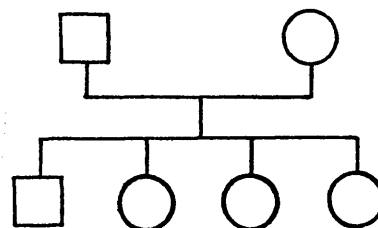
F - 26



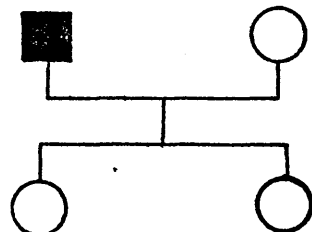
F - 27



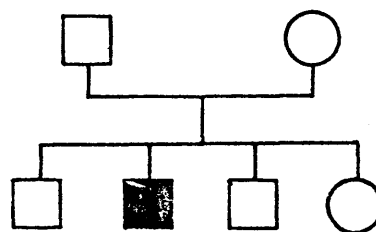
F - 28



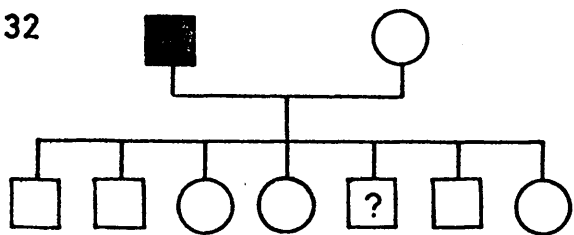
F - 29



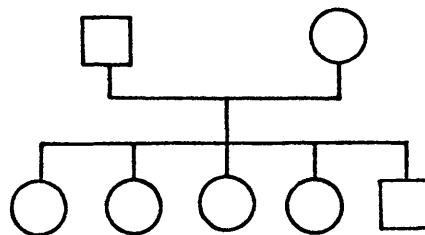
F - 30



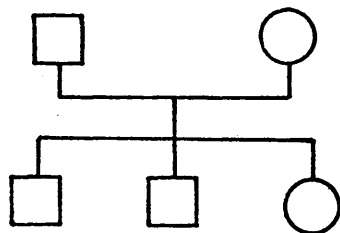
F-32



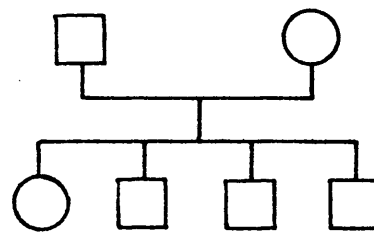
F-33



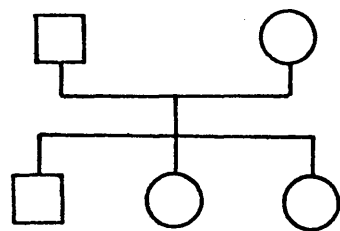
F-34



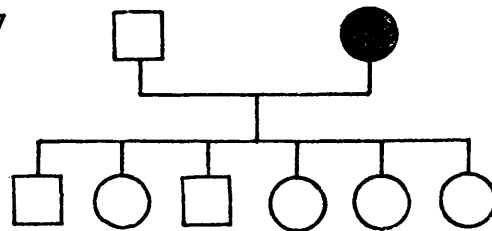
F-35



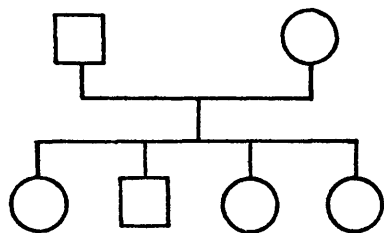
F-36



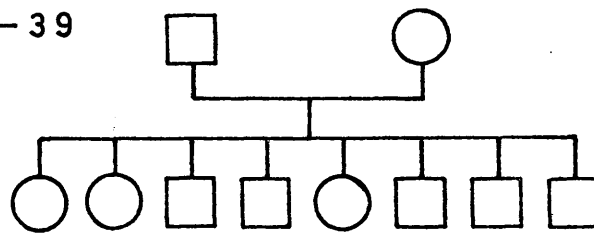
F-37



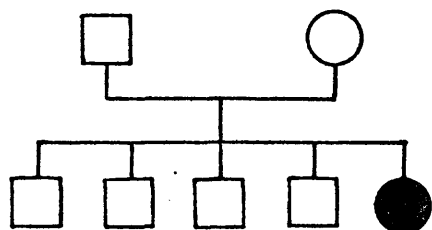
F-38



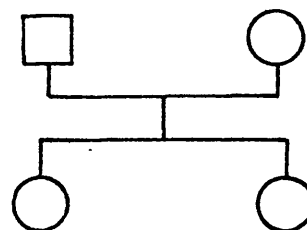
F-39



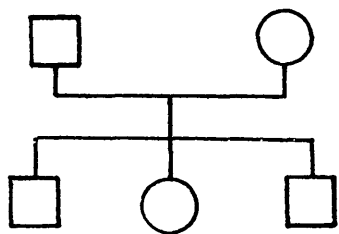
F-40



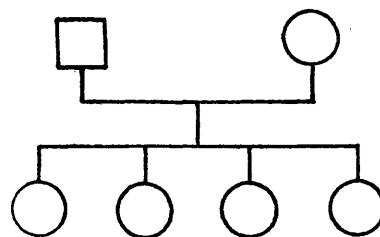
F-41



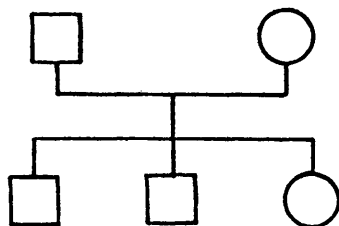
F-42



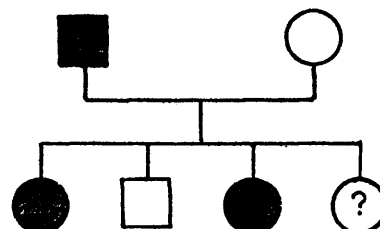
F-43



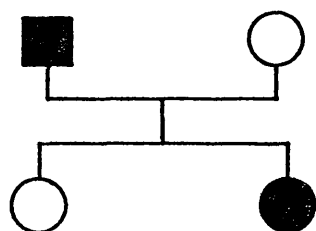
F-44



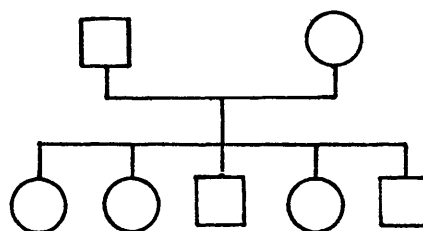
F-46



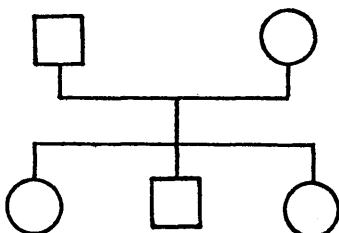
F-47



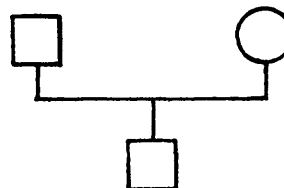
F-48



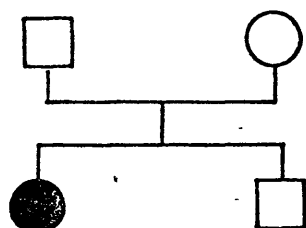
F-49



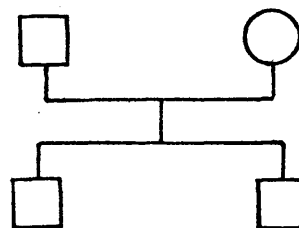
F-50



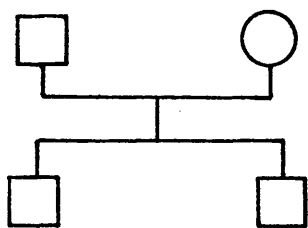
F-51



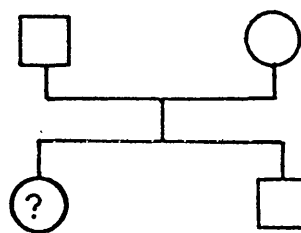
F-52



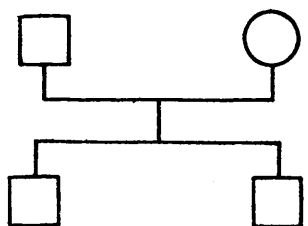
F - 53



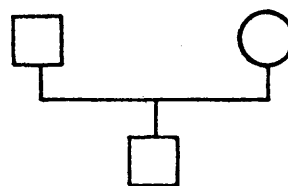
F - 54



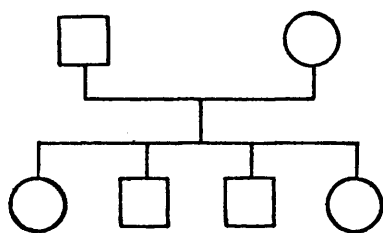
F - 55



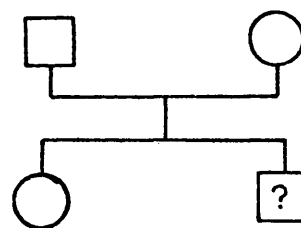
F - 56



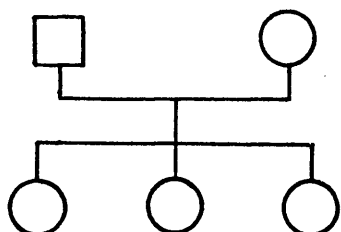
F - 57



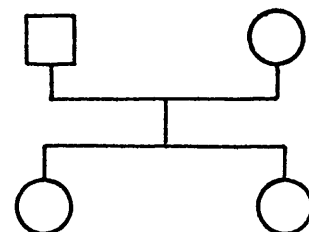
F - 58



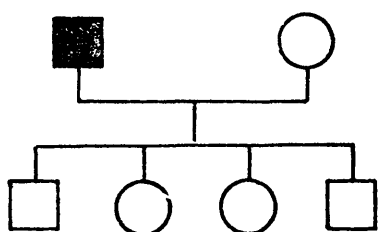
F - 59



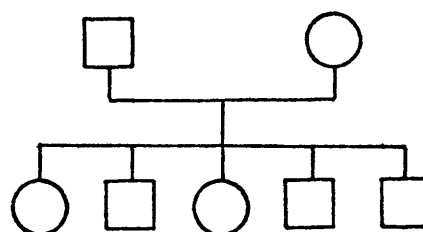
F - 60



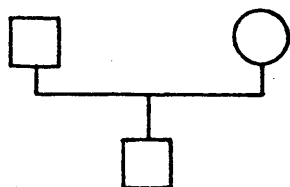
F - 61



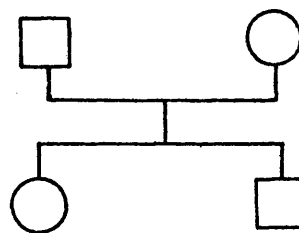
F - 62



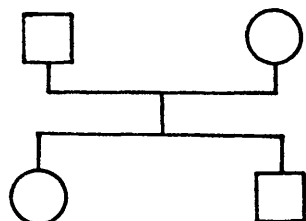
F- 63



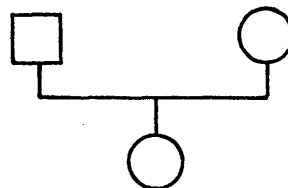
F - 64



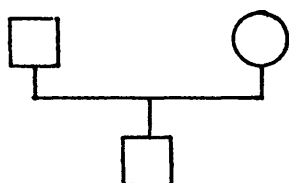
F - 65



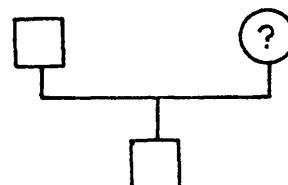
F - 66



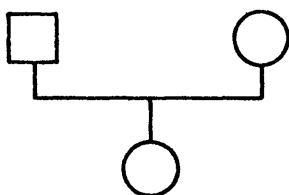
F - 67



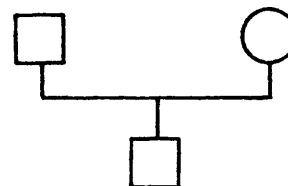
F - 68



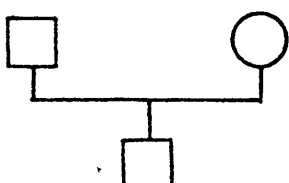
F - 69



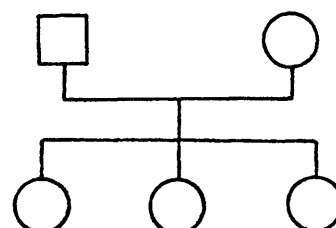
F - 70



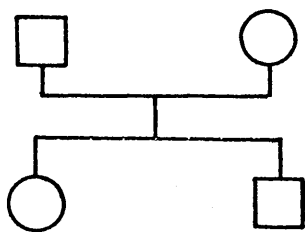
F - 73



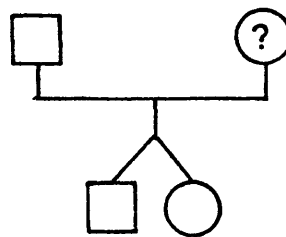
F - 74



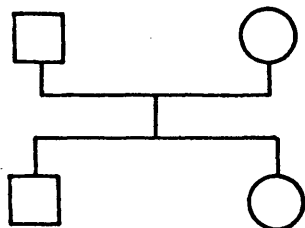
F - 75



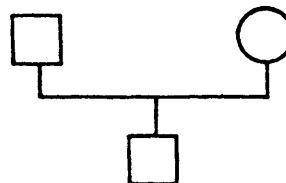
F - 76



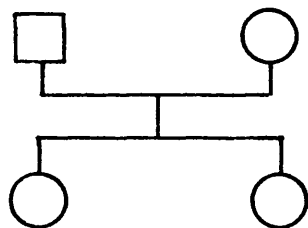
F - 77



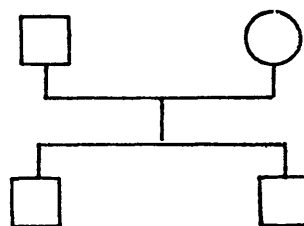
F - 78



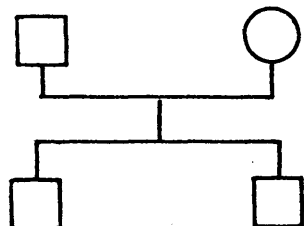
F - 79



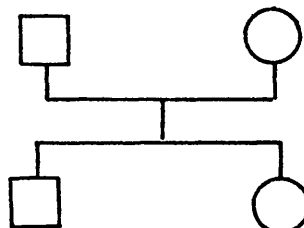
F - 80



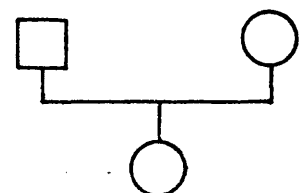
F - 81



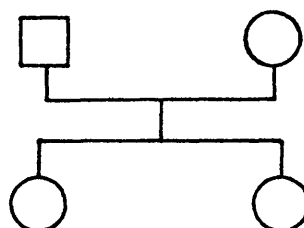
F - 82



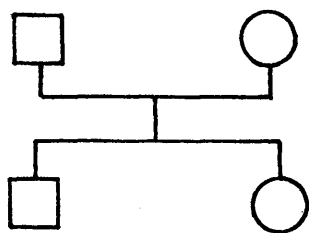
F - 84



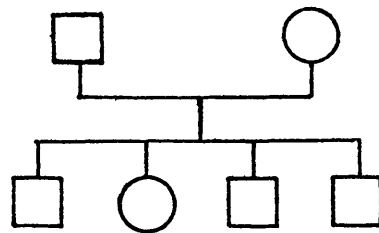
F - 86



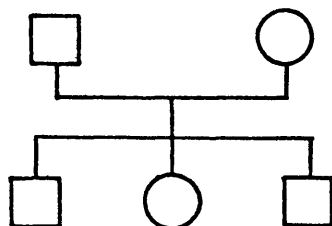
F-87



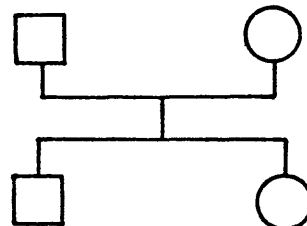
F-88



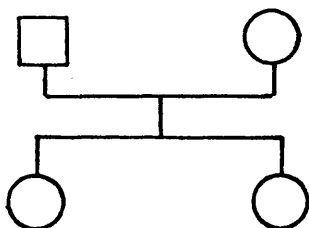
F-90



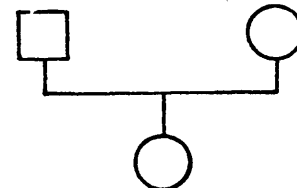
F-91



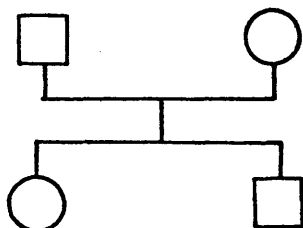
F-92



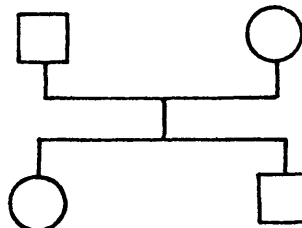
F-93



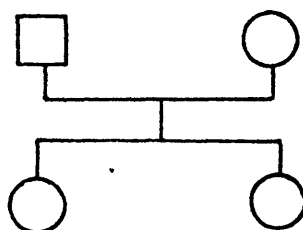
F-94



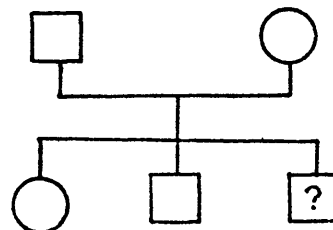
F-95



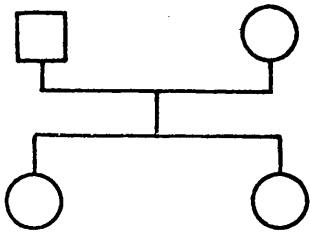
F-96



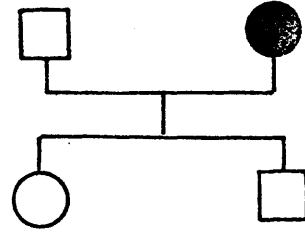
F-97



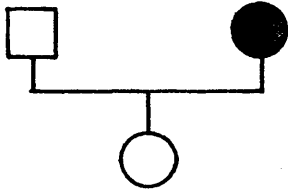
F - 98



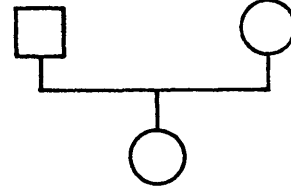
F - 99



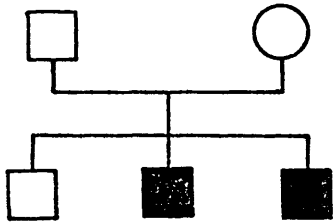
F - 100



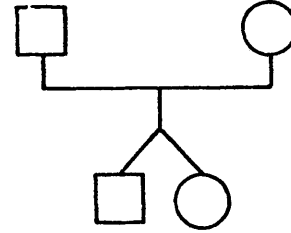
F - 101



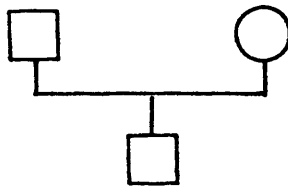
F - 102



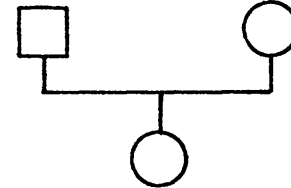
F - 103



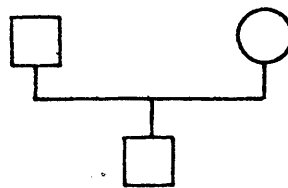
F - 104



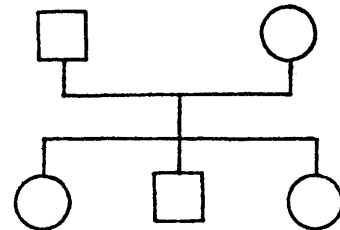
F - 105



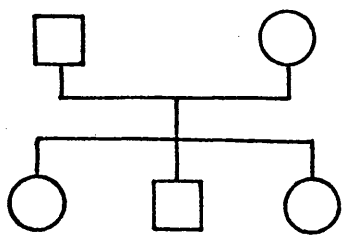
F - 106



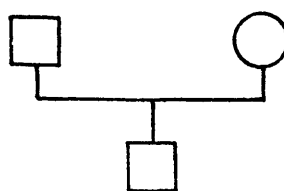
F - 107



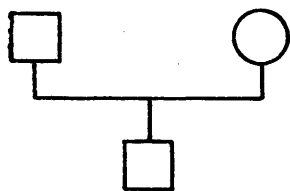
F-108



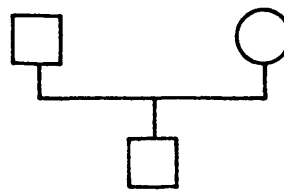
F-109



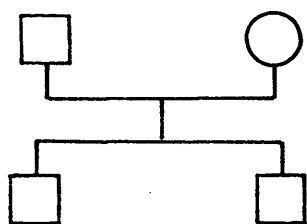
F-111



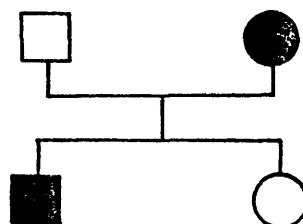
F-112



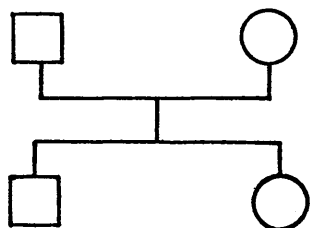
F-113



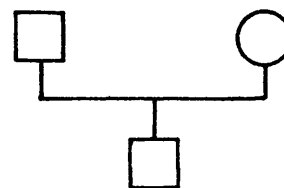
F-114



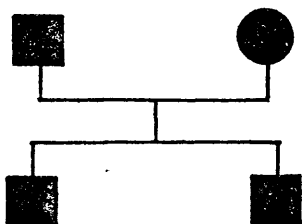
F-115



F-116



F-117



F-118

